

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES  
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum  
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum  
13. November 2003 (13.11.2003)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer  
WO 03/093482 A2

(51) Internationale Patentklassifikation<sup>7</sup>: C12N 15/82,  
C12P 7/64

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP03/04297

(22) Internationales Anmeldedatum:  
25. April 2003 (25.04.2003)

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:  
102 19 203.0 29. April 2002 (29.04.2002) · DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von  
US): BASF PLANT SCIENCE GMBH [DE/DE]; Carl-  
Bosch-Str. 38, 67056 Ludwigshafen (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): CIRPUS, Petra

[DE/DE]; Landteilstr.12, 68163 Mannheim (DE). RENZ,  
Andreas [DE/DE]; Heinrich-von-Kleist-Str.6, 67117 Lim-  
burgerhof (DE). LERCHL, Jens [DE/SE]; Önsjövägen  
17, S-26831 Svalöv (SE). KUIJPERS, Anne-Marie  
[NL/DE]; Pappelstr. 31, 67166 Otterstadt (DE).

(74) Anwalt: PRESSLER, Uwe; c/o BASF Aktiengesellschaft, 67056 Ludwigshafen (DE).

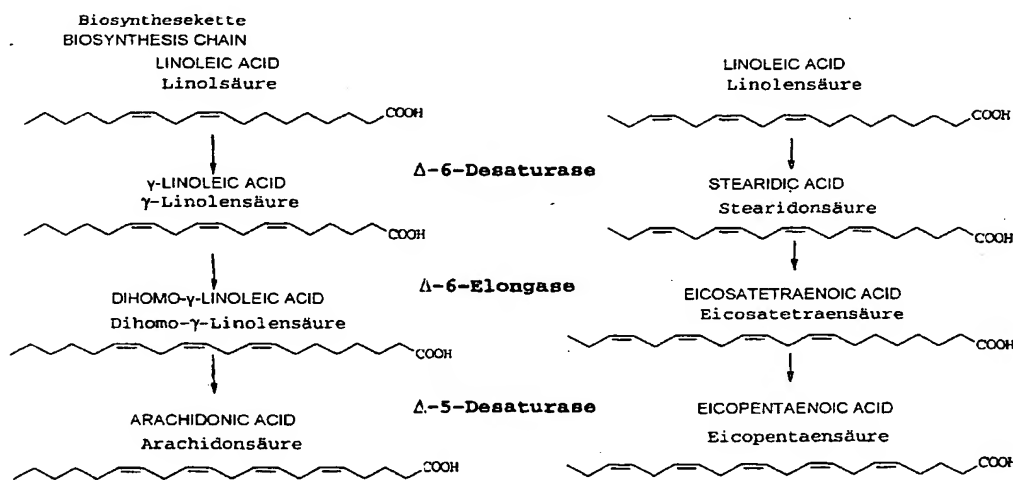
(81) Bestimmungsstaaten (national): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NI, NO, NZ, OM, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) Bestimmungsstaaten (regional): ARIPO-Patent (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW),  
eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM),  
europäisches Patent (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE,

[Fortsetzung auf der nächsten Seite]

(54) Title: METHOD FOR PRODUCING MULTIPLE UNSATURATED FATTY ACIDS IN PLANTS

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR HERSTELLUNG MEHRFACH UNGESÄTTIGTER FETTSÄUREN IN PFLANZEN



(57) Abstract: The invention relates to a method for producing fatty acid esters which contain unsaturated fatty acids with at least three double-bonds, and free unsaturated fatty acids having a content of at least 1 wt.-%, in relation to the total amount of fatty acids contained in plants, by expression of at least one nucleic acid sequence which codes for a polypeptide having D-6-desaturase activity, and at least one nucleic acid sequence which codes for a polypeptide having D-6-elongase activity. Advantageously, said nucleic acid sequences can be expressed, optionally, together with a third nucleic acid sequence in the transgenic plant, which codes for a polypeptide having D-5-desaturase activity. The invention also relates to the use of defined nucleic acid sequences which code for polypeptides having a D-6-desaturase activity, D-6-elongase activity or D-5-desaturase activity, selected from a group of nucleic acid sequences, or to the use of nucleic acid structures containing the above-mentioned nucleic acid sequences.

[Fortsetzung auf der nächsten Seite]

WO 03/093482 A2

UP



DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

*Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.*

**Veröffentlicht:**

- *ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts*

**(57) Zusammenfassung:** Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Fettsäureestern, die ungesättigte Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen enthalten, sowie freien ungesättigten Fettsäuren mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten in der Pflanze enthaltenen Fettsäuren durch Expression mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit D-6-Desaturaseaktivität codiert, und mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit D-6-Elongaseaktivität codiert. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit D-5-Desaturaseaktivität codiert, in der transgenen Pflanze exprimiert werden. Die Erfindung betrifft weiterhin die Verwendung definierter Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit einer D-6-Desaturaseaktivität, D-6-Elongaseaktivität oder D-5-Desaturaseaktivität codieren ausgewählt aus einer Gruppe von Nukleinsäuresequenzen bzw. die Verwendung von Nukleinsäurekonstrukten enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen.

## Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in Pflanzen

### 5 Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Fettsäureester, die ungesättigte Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen enthalten, sowie freien ungesättigten Fettsäuren mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten in der Pflanzen enthaltenden Fettsäuren durch Expression mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit  $\Delta$ -6-Desaturaseaktivität codiert, und mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität codiert. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit  $\Delta$ -5-Desaturaseaktivität codiert, in der transgenen Pflanze exprimiert werden.

Die Erfindung betrifft weiterhin die Verwendung definierter Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit einer  $\Delta$ -6-Desaturaseaktivität,  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität oder  $\Delta$ -5-Desaturaseaktivität codieren ausgewählt aus einer Gruppe von Nukleinsäuresequenzen bzw. die Verwendung von Nukleinsäurekonstrukten enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen.

Bestimmte Produkte und Nebenprodukte natürlich vorkommender Stoffwechselprozesse in mikrobiellen Zellen oder in den Zellen von Tieren und vorteilhaft Pflanzen sind für ein breites Spektrum an Industrien, einschließlich der Futtermittel-, Nahrungsmittel-, Kosmetik- und pharmazeutischen Industrie, nützlich. Zu diesen gemeinsam als "Feinchemikalien" bezeichneten Molekülen gehören auch Lipide und Fettsäuren, unter denen eine beispielhafte Klasse die mehrfach ungesättigten Fettsäuren sind. Mehrfach ungesättigte Fettsäuren (polyunsaturated fatty acids, PUFAs) werden beispielsweise Nahrungsmittel für Kinder zugegeben, um einen höheren Nährwert dieser Nahrungsmittel zu erzeugen. PUFAs haben zum Beispiel einen positiven Einfluss auf den Cholesterinspiegel im Blut von Menschen und eignen sich daher zum Schutz gegen Herzkrankheiten. Feinchemikalien wie mehrfach ungesättigte Fettsäuren (polyunsaturated fatty acids, PUFAs) lassen sich aus tierischen Quellen, wie beispielsweise Fisch, isolieren oder mit Mikroorganismen durch Züchtung von Mikroorganismen, die so entwickelt worden sind, dass sie große Mengen eines oder mehrerer gewünschter Moleküle produzieren und akkumulieren oder sezernieren, im großen Maßstab herstellen.

## 2

Fettsäuren und Triglyceride haben eine Vielzahl von Anwendungen in der Lebensmittelindustrie, der Tierernährung, der Kosmetik und im Pharmabereich. Je nachdem ob es sich um freie gesättigte oder ungesättigte Fettsäuren oder um Triglyceride mit einem erhöhten

5 Gehalt an gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren handelt, sind sie für die unterschiedlichsten Anwendungen geeignet. Mehrfach ungesättigte  $\Omega$ -3-Fettsäuren und  $\Omega$ -6-Fettsäuren stellen dabei einen wichtigen Bestandteil der tierischen und menschlichen Nahrung dar. Aufgrund der heute üblichen Zusammensetzung der

10 menschlichen Nahrung ist ein Zusatz von mehrfach ungesättigten  $\Omega$ -3-Fettsäuren, die bevorzugt in Fischölen vorkommen, zur Nahrung besonders wichtig. So werden beispielsweise mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie Docosahexaensäure (=DHA, C22:6<sup>4,7,10,13,16,19</sup>) oder Eisosapentaensäure (= EPA, C20:5<sup>4,8,11,14,17</sup>) Babynahrung zur Erhöhung

15 des Nährwertes zugesetzt. Der DHA wird dabei ein positiver Effekt auf die Entwicklung des Gehirns zugeschrieben.

Hauptsächlich werden die verschiedenen Fettsäuren und Triglyceride aus Mikroorganismen wie Mortierella oder aus Öl-

20 produzierenden Pflanzen wie Soja, Raps, Sonnenblume, Algen wie Cryptocodium oder Phaeodactylum und weiteren gewonnen, wobei sie in der Regel in Form ihrer Triacylglyceride (= Triglyceride = Triglycerole) anfallen. Sie können aber auch aus Tieren wie z.B. Fischen gewonnen werden. Die freien Fettsäuren werden

25 vorteilhaft durch Verseifung hergestellt. Höhere mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie DHA, EPA, Arachidonsäure (= ARA, C20:4<sup>4,8,11,14</sup>), Dihomo- $\gamma$ -linolensäure (C20:3<sup>8,11,14</sup>) oder Docosapentaensäure (DPA, C22:5<sup>7,10,13,16,19</sup>) lassen sich nicht aus Ölfruchtpflanzen wie Raps, Soja, Sonnenblume, Färberdistel oder anderen

30 isolieren. Übliche natürliche Quellen für diese Fettsäuren sind Fische wie Hering, Lachs, Sardine, Goldbarsch, Aal, Karpfen, Forelle, Heilbutt, Makrele, Zander oder Thunfisch oder Algen.

Je nach Anwendungszweck sind Öle mit gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren bevorzugt, so sind z.B. in der humanen Ernährung Lipide mit ungesättigten Fettsäuren speziell mehrfach ungesättigten Fettsäuren bevorzugt. Den mehrfach ungesättigten  $\Omega$ -3-Fettsäuren wird dabei ein positiver Effekt auf den Cholesterinspiegel im Blut und damit auf die Möglichkeit der Prä-

40 vention einer Herzerkrankung zugeschrieben. Durch Zugabe dieser  $\Omega$ -3-Fettsäuren zu Nahrung kann das Risiko einer Herzerkrankung, eines Schlaganfalls oder von Bluthochdruck deutlich verringert werden. Auch entzündliche speziell chronisch entzündliche Prozesse im Rahmen immunologischer Erkrankungen wie rheumatoider

45 Arthritis lassen sich durch  $\Omega$ -3-Fettsäuren positiv beeinflussen. Sie werden deshalb Lebensmitteln speziell diätischen Lebensmitteln zugegeben oder finden in Medikamenten Anwendung.



$\Omega$ -6-Fettsäuren wie Arachidonsäure haben bei diesen rheumatischen Erkrankungen aufgrund unserer üblichen Nahrungsmittelzusammensetzung eher einen negativen Effekt auf diese Krankheiten.

- 5  $\Omega$ -3- und  $\Omega$ -6-Fettsäuren sind Vorläufer von Gewebshormonen, den sogenannten Eicosanoiden wie den Prostaglandinen, die sich von der Dihomo- $\gamma$ -linolensäure, der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten, den Thromoxanen und Leukotrienen, die sich von der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten. Eicosanoide (sog. PG<sub>2</sub>-Serie), die aus  $\Omega$ -6-Fettsäuren gebildet werden fördern in der Regel Entzündungsreaktionen, während Eicosanoide (sog. PG<sub>3</sub>-Serie) aus  $\Omega$ -3-Fettsäuren geringe oder keine entzündungsfördernde Wirkung haben.
- 15 Aufgrund ihrer positiven Eigenschaften hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, Gene, die an der Synthese von Fettsäuren bzw. Triglyceriden beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Organismen mit geändertem Gehalt an ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. So wird in WO 91/13972 und seinem US-Äquivalent eine  $\Delta$ -9-Desaturase beschrieben. In WO 93/11245 wird eine  $\Delta$ -15-Desaturase in WO 94/11516 wird eine  $\Delta$ -12-Desaturase beansprucht. Weitere Desaturasen werden beispielsweise in EP-A-0 550 162, WO 94/18337, WO 97/30582, WO 97/21340, WO 95/18222, EP-A-0 794 250, Stukey et al., J. Biol. Chem., 265, 1990: 20144-20149, Wada et al., Nature 347, 1990: 200-203 oder Huang et al., Lipids 34, 1999: 649-659 beschrieben. Die biochemische Charakterisierung der verschiedenen Desaturasen ist jedoch bisher nur unzureichend erfolgt, da die Enzyme als membrangebundene Proteine nur sehr schwer zu isolieren und zu charakterisieren sind (McKeon et al., Methods in Enzymol. 71, 1981: 12141-12147, Wang et al., Plant Physiol. Biochem., 26, 1988: 777-792). In der Regel erfolgt die Charakterisierung membrangebundener Desaturasen durch Einbringung in einen geeigneten Organismus, der anschließend auf Enzymaktivität mittels Edukt- und Produktanalyse untersucht wird.
- 35  $\Delta$ -6-Desaturasen werden in WO 93/06712, US 5,614,393, US5614393, WO 96/21022, WO00/21557 und WO 99/27111 beschrieben und auch die Anwendung zur Produktion in transgenen Organismen beschrieben wie in WO98/46763 WO98/46764, WO9846765. Dabei wird auch die Expression verschiedener Desaturasen wie in WO99/64616 oder WO98/46776 und Bildung polyungesättigter Fettsäuren beschrieben und beansprucht. Bzgl. der Effektivität der Expression von Desaturasen und ihren Einfluss auf die Bildung polyungesättigter Fettsäuren ist anzumerken, dass durch Expression einer einzelnen Desaturase wie bisher beschrieben lediglich geringe Gehalte an  $\Delta$ -6-ungesättigten Fettsäuren/Lipiden wie z.B. gamma-Linolensäure und Stearidonsäure erreicht wurden. Weiterhin wurde in der Regel

ein Gemisch aus  $\omega$  3 und  $\omega$  6 Fettsäuren erhalten, da alle bisher beschriebenen  $\Delta$ -6-Desaturasen zum Beispiel Linolsäure ( $\omega$ -6-Fettsäure) als auch  $\alpha$ -Linolensäure ( $\omega$ -3-Fettsäure) umsetzten.

- 5 Besonders geeignete Mikroorganismen zur Herstellung von PUFAs sind Mikroorganismen wie Thraustochytrien oder Schizochytrien-Stämme, Algen wie *Phaeodactylum tricornutum* oder *Cryptothecodinium*-Arten, Ciliaten, wie *Stylonychia* oder *Colpidium*, Pilze, wie *Mortierella*, *Entomophthora* oder *Mucor*. Durch Stammselektion
- 10 ist eine Anzahl von Mutantenstämmen der entsprechenden Mikroorganismen entwickelt worden, die eine Reihe wünschenswerter Verbindungen, einschließlich PUFAs, produzieren. Die Mutation und Selektion von Stämmen mit verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls wie den mehrfach ungesättigten Fettsäuren ist
- 15 jedoch ein zeitraubendes und schwieriges Verfahren. Deshalb werden, wenn immer möglich wie oben beschrieben gentechnologische Verfahren bevorzugt. Mit Hilfe der vorgenannten Mikroorganismen lassen sich jedoch nur begrenzte Mengen der gewünschten mehrfach ungesättigten Fettsäuren wie DPA, EPA oder ARA herstellen. Wobei
- 20 diese in der Regel je nach verwendeten Mikroorganismus als Fettsäuregemische aus beispielsweise EPA, DPA und DHA anfallen.

- Alternativ kann die Produktion von Feinchemikalien geeigneterweise über die Produktion in Pflanzen, die so entwickelt sind,
- 25 dass sie die vorstehend genannten PUFAs herstellen, im großen Maßstab durchgeführt werden. Besonders gut für diesen Zweck geeignete Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten wie Raps, Canola, Lein, Soja, Sonnenblumen, Borretsch und Nachtkerze. Aber auch andere Nutzpflanzen,
- 30 die Öle oder Lipide und Fettsäuren enthalten, sind gut geeignet, wie in der eingehenden Beschreibung dieser Erfindung erwähnt. Mittels herkömmlicher Züchtung ist eine Reihe von Mutantpflanzen entwickelt worden, die ein Spektrum an wünschenswerten Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen produzieren.
- 35 Die Selektion neuer Pflanzensorten mit verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls ist jedoch ein zeitaufwändiges und schwieriges Verfahren oder sogar unmöglich, wenn die Verbindung in der entsprechenden Pflanze nicht natürlich vorkommt, wie im Fall von mehrfach ungesättigten  $C_{18}$ -,  $C_{20}$ -Fettsäuren und  $C_{22}$ -Fettsäuren und solchen mit längeren Kohlenstoffketten.
- 40

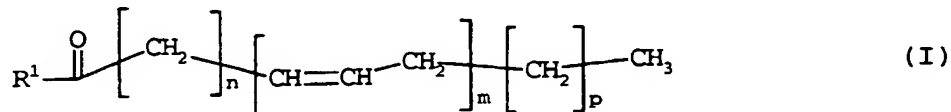
- Aufgrund der positiven Eigenschaften ungesättigter Fettsäuren hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, diese Gene, die an der Synthese von Fettsäuren bzw. Triglyceriden
- 45 beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Pflanzen mit einem geänderten Gehalt an mehrfach ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. Bisher konnten jedoch länger-

## 5

kettige mehrfach ungesättigte C<sub>20</sub>- und/oder C<sub>22</sub>-Fettsäuren wie EPA oder ARA nicht in Pflanzen hergestellt werden.

Es bestand daher die Aufgabe ein Verfahren zur Herstellung von  
 5 mehrfach ungesättigten Fettsäureestern und/oder freien mehrfach ungesättigten Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül zu entwickeln. Diese Aufgabe wurde durch das erfindungsgemäße Verfahren zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I:

10



15

in transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren dadurch gekennzeichnet, dass das Verfahren folgende Schritte umfasst:

20

a) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in eine Pflanze, die für ein Polypeptid mit einer Δ-6-Desaturaseaktivität codiert; sowie

25

b) Einbringen mindestens einer zweiten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer Δ-6-Elongaseaktivität codiert; und

30

c) gegebenenfalls Einbringen einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer Δ-5-Desaturaseaktivität codiert;

d) anschließend kultivieren und ernten der Pflanzen; und

35 wobei die Variablen und Substituenten in der Formeln I folgende Bedeutung haben:

R<sup>1</sup> = -OH, Coenzym A-(Thioester), Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycosphingolipid- oder einen Rest der  
 40 folgenden allgemeinen Formel II

45

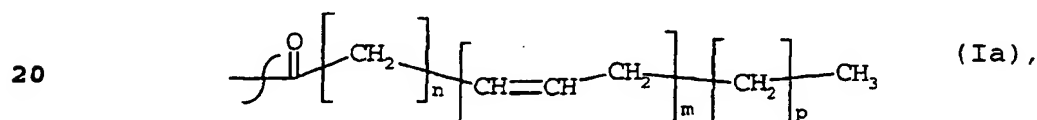


5

$\text{R}^2 = \text{H}$ , Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-,  
 10 Phosphatidylinositol-, Shingolipid-, Glycoshingolipid-,  
 Glycoshingolipid- oder gesättigtes oder ungesättigtes  
 $\text{C}_2\text{-C}_{24}$ -Alkylcarbonyl-,

$\text{R}^3 = \text{H}$ , gesättigtes oder ungesättigtes  $\text{C}_2\text{-C}_{24}$ -Alkylcarbonyl-, oder

15  $\text{R}^2$  und  $\text{R}^3$  unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen  
 Formel Ia



20

$n = 3, 4$  oder  $6$ ,  $m = 3, 4$  oder  $5$  und  $p = 0$  oder  $3$ , bevorzugt  
 25 bedeutet  $n = 3$ ,  $m = 4$  oder  $5$  und  $p = 0$  oder  $3$ .

$\text{R}^1$  bezeichnet in den Verbindungen der Formel I -OH (Hydroxyl-),  
 AcetylCoenzym A-, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-,  
 Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidyl-  
 30 serin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycoshingolipid-  
 oder einen Rest der folgenden allgemeinen Formel II



35

40 Die vorgenannten Reste für  $\text{R}^1$  sind jeweils als Ester bzw. Thio-  
 ester an die Verbindungen der allgemeinen Formel I gebunden.

$\text{R}^2$  bezeichnet in den Verbindungen der Formel II Wasserstoff,  
 Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidyl-  
 glycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-,  
 45 Phosphatidylinositol-, Shingolipid-, Glycoshingolipid-,  
 Glycoshingolipid- oder gesättigtes oder ungesättigtes  
 $\text{C}_2\text{-C}_{24}$ -Alkylcarbonyl-.

Als ungesättigtes oder gesättigtes C<sub>2</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonyl- seien Reste wie Ethylcarbonyl-, n-Propylcarbonyl-, n-Butylcarbonyl-, n-Pentylcarbonyl-, n-Hexylcarbonyl-, n-Heptylcarbonyl-, n-Octylcarbonyl-, n-Nonylcarbonyl-, n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten können. Bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C<sub>10</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonylreste wie n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C<sub>10</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonylreste wie C<sub>10</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>11</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>12</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>13</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>14</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>16</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>18</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>20</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>22</sub>-Alkylcarbonyl- oder C<sub>24</sub>-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Ganz besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C<sub>16</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonylreste wie C<sub>16</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>18</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>20</sub>-Alkylcarbonyl- oder C<sub>22</sub>-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Bevorzugt enthalten die genannten Reste zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Besonders bevorzugt enthalten die Reste drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Ganz besonders bevorzugt sind C<sub>18</sub>-Alkylcarbonylreste, die eine, zwei, drei oder vier Doppelbindungen enthalten, und C<sub>20</sub>-Alkylcarbonylreste, die drei, vier oder fünf Doppelbindungen enthalten. Alle genannten Reste leiten sich von den entsprechenden Fettsäuren ab.

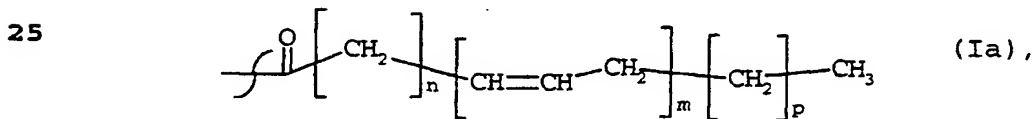
R<sup>3</sup> bezeichnet in den Verbindungen der Formel II Wasserstoff, gesättigtes oder ungesättigtes C<sub>2</sub>-C<sub>24</sub>-Alkylcarbonyl.

Als ungesättigtes oder gesättigtes C<sub>2</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonyl- seien Reste wie Ethylcarbonyl-, n-Propylcarbonyl-, n-Butylcarbonyl-, n-Pentylcarbonyl-, n-Hexylcarbonyl-, n-Heptylcarbonyl-, n-Octylcarbonyl-, n-Nonylcarbonyl-, n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten können. Bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C<sub>10</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonylreste wie n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-,

n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C<sub>10</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonylreste wie C<sub>10</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>11</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>12</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>13</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>14</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>16</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>18</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>20</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>22</sub>-Alkylcarbonyl- oder C<sub>24</sub>-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Ganz besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C<sub>16</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonylreste wie C<sub>16</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>18</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>20</sub>-Alkylcarbonyl- oder C<sub>22</sub>-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Bevorzugt enthalten die genannten Reste zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Besonders bevorzugt enthalten die Reste drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Ganz besonders bevorzugt sind C<sub>18</sub>-Alkylcarbonylreste, die eine, zwei, drei oder vier Doppelbindungen enthalten, und C<sub>20</sub>-Alkylcarbonylreste, die drei, vier oder fünf Doppelbindungen enthalten. Alle genannten Reste leiten sich von den entsprechenden Fettsäuren ab.

20

R<sup>2</sup> und R<sup>3</sup> bezeichnen weiterhin in den Verbindungen der Formel II unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen Formel Ia



30 wobei n = 3, 4 oder 6, m = 3, 4 oder 5 und p = 0 oder 3 bedeutet, bevorzugt bedeutet n = 3, m = 4 oder 5 und p = 0 oder 3.

Die vorgenannten Reste R<sup>1</sup>, R<sup>2</sup> und R<sup>3</sup> können auch Substituenten wie Hydroxyl- oder Epoxigruppen tragen oder auch Dreifachbindungen enthalten.

Bei den im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen handelt es sich um isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ-5-, Δ-6-Desaturase- oder Δ-6-Elongase-aktivität codieren.

Die im Verfahren hergestellten Verbindungen der Formel I enthalten vorteilhaft eine Mischung aus unterschiedlichen Resten R<sup>1</sup>, R<sup>2</sup> oder R<sup>3</sup>, die sich von unterschiedlichen Glyceriden ableiten lassen. Weiterhin lassen sich die vorgenannten Reste von verschiedenen Fettsäuren wie kurzkettigen Fettsäuren mit 4 bis 6 C-Atomen, mittelkettigen Fettsäuren mit 8 bis 12 C-Atomen oder

langkettigen Fettsäuren mit 14 bis 24 C-Atomen ableiten, bevorzugt sind die langkettigen Fettsäuren.

- Im erfindungsgemäßen Verfahren werden vorteilhaft Fettsäureester
- 5 (= Verbindungen der Formel I) mit mehrfach ungesättigten C<sub>18</sub>-, C<sub>20</sub>- und/oder C<sub>22</sub>-Fettsäuremolekülen mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäureester hergestellt. Bevorzugt enthalten diese Fettsäuremoleküle drei, vier oder fünf Doppelbindungen und führen vorteilhaft zur Synthese von  $\gamma$ -Linolensäure (= GLA, C<sub>18</sub>:3 <sup>$\Delta$ 6,9,12</sup>), Stearidonsäure (= SDA, C<sub>18</sub>:4 <sup>$\Delta$ 6,9,12,15</sup>), Dihomo-
- 10  $\gamma$ -Linolensäure (= DGLA, C<sub>20</sub>:3 <sup>$\Delta$ 8,11,14</sup>), Eicosatetraensäure (= ETA, C<sub>20</sub>:4 <sup>$\Delta$ 5,8,11,14</sup>), Arachidonsäure (ARA), Eicosapentaensäure (EPA) oder deren Mischungen, bevorzugt EPA und/oder ARA.
- 15 Die Fettsäureester mit mehrfach ungesättigten C<sub>18</sub>-, C<sub>20</sub>- und/oder C<sub>22</sub>-Fettsäuremolekülen können aus den Organismen, die für die Herstellung der Fettsäureester verwendet wurden, in Form eines Öls oder Lipids beispielsweise in Form von Verbindungen wie Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide wie Glycosphingolipid, Phospholipide wie Phosphatidylethanolamin, Phosphatidylcholin, Phosphatidylserin, Phosphatidylglycerol, Phosphatidylinositol oder Diphosphatidylglycerol, Monoacylglyceride, Diacylglyceride, Triacylglyceride oder sonstige Fettsäureester wie die AcetylCoenzymA-Ester, die die mehrfach ungesättigten Fettsäuren
- 20 mit mindestens zwei bevorzugt drei Doppelbindungen enthalten, isoliert werden. Neben diesen Estern sind die mehrfach ungesättigten Fettsäuren auch als freie Fettsäuren oder gebunden in anderen Verbindungen in den Pflanzen enthalten. In der Regel liegen die verschiedenen vorgenannten Verbindungen (Fettsäure-
- 25 ester und frei Fettsäuren) in der Pflanze in einer ungefähren Verteilung von 80 bis 90 Gew.-% Triglyceride, 2 bis 5 Gew.-% Diglyceride, 5 bis 10 Gew.-% Monoglyceride, 1 bis 5 Gew.-% freie Fettsäuren, 2 bis 8 Gew.-% Phospholipide vor, wobei sich die Summe der verschiedenen Verbindungen zu 100 Gew.-% ergänzt.
- 35 Im erfindungsgemäßen Verfahren werden die Verbindungen der allgemeinen Formel I mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-%, vorteilhaft von mindestens 2 Gew.-%, bevorzugt von mindestens 3 Gew.-%, besonders bevorzugt von mindestens 5 Gew.-%, ganz
- 40 besonders bevorzugt von mindestens 10 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren in der transgenen Pflanze hergestellt. Da im erfindungsgemäßen Verfahren von den Ausgangsverbindungen Linolensäure (C<sub>18</sub>:2) bzw. Linolensäure (C<sub>18</sub>:3) mehrere Reaktionsschritte durchlaufen werden, fallen die Endprodukte des Verfahrens wie
- 45 beispielsweise Arachidonsäure (ARA) oder Eicosapentaensäure (EPA) nicht als Reinprodukte an, es sind immer auch geringe Spuren der Vorstufen im Endprodukt enthalten. Sind in der Ausgangspflanze

- sowohl Linolsäure als auch Linolensäure vorhanden, so liegen die Endprodukte wie ARA und EPA als Mischungen vor. Die Vorstufen sollten vorteilhaft nicht mehr als 20 Gew.-%, bevorzugt nicht mehr als 15 Gew.-%, besonders bevorzugt nicht als 10 Gew.-%, 5 ganz besonders bevorzugt nicht mehr als 5 Gew.-% bezogen auf die Menge des jeweiligen Endprodukts betragen. Vorteilhaft werden in einer transgenen Pflanze als Endprodukte nur ARA oder nur EPA im erfindungsgemäßen Verfahren gebunden oder als freie Säuren (siehe Verbindungen der allgemeinen Formel I) hergestellt. Werden beide 10 Verbindungen (ARA + EPA) gleichzeitig hergestellt, werden sie vorteilhaft in einem Verhältnis von mindesten 1:2 (EPA:ARA), vorteilhaft von mindestens 1:3, bevorzugt von 1:4, besonders bevorzugt von 1:5 hergestellt.
- 15 Als Organismus für die Herstellung im erfindungsgemäßen Verfahren kommen prinzipiell alle Pflanzen wie Moose, Algen, zweikeimblättrige oder einkeimblättrige Pflanzen in Frage. Vorteilhaft werden Organismen im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet, die zu den Öl-produzierenden Organismen gehören, das heißt die für 20 die Herstellung von Ölen verwendet werden, wie Algen wie *Cryptocodium*, *Phaeodactylum* oder Pflanzen, insbesondere Pflanzen bevorzugt Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel), Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Sesam, 25 Calendula, Punica, Nachtkerze, Königskerze, Distel, Wildrosen, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Avocado, Lorbeer, Kürbis, Lein, Soja, Pistazien, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss oder Walnuss) oder Feldfrüchte, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, 30 Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa oder Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel), 35 Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Calendula, Punica, Nachtkerze, Kürbis, Lein, Soja, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss). Besonders bevorzugt sind C18:2- und/oder C18:3-Fettsäure reiche Pflanzen wie Sonnenblume, Färberdistel, Tabak, Königskerze, Sesam, Baumwolle, Kürbis, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein, Hanf, 40 Distel oder Färberdistel. Ganz besonders bevorzugt sind Pflanzen wie Färberdistel, Sonnenblume, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein oder Hanf.
- Durch die enzymatische Aktivität der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für Polypeptide mit  $\Delta$ -5-, 45  $\Delta$ -6-Desaturase- oder  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität codieren, können unterschiedliche Verbindungen der Formel I hergestellt werden.



## 11

Je nach Auswahl der für das erfindungsgemäße Verfahren verwendeten Pflanze lassen sich Mischungen der verschiedenen Verbindungen der allgemeinen Formel I oder einzelne Verbindungen wie EPA oder ARA in freier oder gebundener Form herstellen. Je nach-

5 dem welche Fettsäurezusammensetzung in der Ausgangspflanze vorherrscht (C18:2- oder C18:3-Fettsäuren) entstehen so Verbindungen der allgemeinen Formel I, die sich von C18:2-Fettsäuren ableiten, wie GLA, DGLA oder ARA enthaltende Verbindungen der Formel I oder, die sich von C18:3-Fettsäuren ableiten, wie SDA, ETA oder

10 EPA enthaltende Verbindungen der Formel I. Liegt in der für das Verfahren verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur Linolsäure (= LA, C18:2<sup>Δ<sup>9,12</sup></sup>) vor, so können als Produkte des Verfahrens nur GLA, DGLA und ARA entstehen, die als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Ist in der im Verfahren

15 verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur α-Linolensäure (= ALA, C18:3<sup>Δ<sup>9,12,15</sup></sup>) beispielsweise wie in Lein, so können als Produkte des Verfahrens nur SDA, ETA und EPA entstehen, die wie oben beschrieben als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Durch Modifikation der Aktivität der an der Synthese

20 beteiligten Enzyme (Δ-5-, Δ-6-Desaturase und Δ-6-Elongase) bzw. durch Einbringen nur der ersten beiden Gene (Δ-6-Desaturase und Δ-6-Elongase) der Synthesekette lassen sich gezielt in den vorgenannten Pflanzen nur einzelne Produkte herstellen (siehe Figur I). Durch die Aktivität der Δ-6-Desaturase und Δ-6-Elongase

25 entstehen GLA und DGLA bzw. SDA und ETA, je nach Ausgangspflanze und ungesättigter Fettsäure. Bevorzugt entstehen DGLA bzw. ETA oder deren Mischungen. Wird die Δ-5-Desaturase zusätzlich in Pflanze eingebracht, so entstehen zusätzlich ARA oder EPA. Vorteilhaft werden nur ARA oder EPA oder deren Mischungen

30 synthetisiert, abhängig von der in der Pflanze vorliegenden Fettsäure, die als Ausgangssubstanz für die Synthese dient. Da es sich um Biosyntheseketten handelt, liegen die jeweiligen Endprodukte nicht als Reinsubstanzen in den Pflanzen vor. Es sind immer auch geringe Mengen der Vorläuferverbindungen im Endprodukt

35 enthalten. Diese geringen Mengen betragen weniger als 20 Gew.-%, vorteilhaft weniger als 15 Gew.-%, besonders vorteilhaft weniger als 10 Gew.-%, ganz besonders vorteilhaft weniger als 5, 4, 3, 2 oder 1 Gew.-% bezogen auf das Endprodukt DGLA, ETA oder deren Mischungen bzw. ARA, EPA oder deren Mischungen.

40

Im erfindungsgemäßen Verfahren werden sind unter transgenen Pflanzen auch Pflanzenzellen, -gewebe, -organe oder ganze Pflanzen zu verstehen, die zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I angezüchtet werden. Unter Anzucht ist

45 beispielsweise die Kultivierung der transgenen Pflanzenzellen, -gewebe oder -organe auf einem Nährmedium oder der ganzen Pflanze

auf bzw. in einem Substrat beispielsweise in Hydrokultur oder auf einem Ackerboden zu verstehen.

- Im erfindungsgemäßen Verfahren können prinzipiell alle
- 5 Nukleinsäuren verwendet werden, die für Polypeptide mit  $\Delta$ -5-,  $\Delta$ -6-Desaturase- oder  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität codieren. Vorteilhaft stammen diese Nukleinsäuren aus Pflanzen wie Algen wie *Isochrysis* oder *Cryptothecodinium*, Diatomeen wie *Phaeodactylum*, Moose wie *Physcomitrella*, *Ceratodon* oder höheren Pflanzen
- 10 wie den *Primulaceae* wie *Aleuritia*, *Calendula stellata*, *Osteospermum spinescens* oder *Osteospermum hyoseroides*, Mikroorganismen wie Pilzen wie *Aspergillus*, *Thraustochytrium*, *Phytophthora*, *Entomophthora*, *Mucor* oder *Mortierella*, Hefen oder Tieren wie Nematoden wie *Caenorhabditis*, Insekten oder dem Mensch. Vorteilhaft
- 15 stammen die  $\Delta$ -5-,  $\Delta$ -6-Desaturase- oder  $\Delta$ -6-Elongasegene aus Pilzen oder aus Pflanzen wie Algen oder Moosen, bevorzugt aus Pflanzen.

- Vorteilhaft wird im erfindungsgemäßen Verfahren eine Nukleinsäuresequenz ausgewählt aus der Gruppe den in SEQ ID NO: 1, 3, 5,
- 20 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 oder deren Derivat oder Homologe, die für Polypeptide codieren, die noch die enzymatische Aktivität besitzen. Diese Sequenzen werden einzeln oder in Kombination in Expressionskonstrukte cloniert, diese
- 25 Expressionskonstrukte sind in den Sequenzen SEQ ID NO: 33-37 wiedergegeben. Diese Expressionskonstrukte ermöglichen eine optimale Synthese der im erfindungsgemäßen Verfahren produzierten Verbindungen der allgemeinen Formel I.
- 30 Bei einer bevorzugten Ausführungsform umfasst das Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens einer Zelle, die die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen, die für eine  $\Delta$ -5- oder  $\Delta$ -6-Desaturase und eine  $\Delta$ -6-Elongase codieren, enthält, wobei eine Zelle mit den Nukleinsäuresequenz, einem Genkonstrukt oder
- 35 einem Vektor, welche die Expression der  $\Delta$ -5-,  $\Delta$ -6-Desaturase- oder  $\Delta$ -6-Elongasenukleinsäure allein oder in Kombination herbeiführen, transformiert wird. Bei einer weiteren bevorzugten Ausführungsform umfasst dieses Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens der Feinchemikalie aus der Kultur. Die so hergestellte
- 40 Zelle ist vorteilhaft eine Zelle einer Ölfruchtpflanze wie beispielsweise Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Soja, Safflower, Hanf, Sonnenblumen oder Borretsch.

- Unter transger Pflanze im Sinne der Erfindung ist zu verstehen,
- 45 daß die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren nicht an ihrer natürlichen Stelle im Genom eines Organismus sind, dabei können die Nukleinsäuren homolog oder heterolog exprimiert werden.

Tansgen bedeutet aber auch, dass die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an ihrem natürlichen Platz im Genom eines Organismus sind, dass jedoch die Sequenz gegenüber der natürlichen Sequenz verändert wurde und/oder dass die Regulationssequenzen, der natürlichen Sequenzen verändert wurden. Bevorzugt ist unter transgen die Expression der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an nicht natürlicher Stelle im Genom zu verstehen, das heißt eine homologe oder bevorzugt heterologe Expression der Nukleinsäuren liegt vor. Bevorzugte transgene Pflanzen sind die Ölfruchtpflanzen.

10 Transgene Pflanzen, die die im erfindungsgemäßen Verfahren synthetisierten Verbindungen der Formel I enthalten, können direkt vermarktet werden ohne die synthetisierten Verbindungen zu isolieren. Unter Pflanzen im erfindungsgemäßen Verfahren  
15 sind alle Pflanzenteile, Pflanzenorgane wie Blatt, Stiel, Wurzel, Knollen oder Samen oder die gesamte Pflanze zu verstehen. Der Samen umfasst dabei alle Samenteile wie die Samenhüllen, Epidermis- und Samenzellen, Endosperm oder Embryogewebe. Die im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Verbindungen können  
20 aber auch aus den Pflanzen in Form ihrer Öle, Fett, Lipide und/oder freien Fettsäuren isoliert werden. Durch dieses Verfahren hergestellte Verbindungen der Formel I lassen sich durch Ernten der Organismen entweder aus der Kultur, in der sie wachsen, oder vom Feld ernten. Dies kann über Pressen oder Extraktion  
25 der Pflanzenteile bevorzugt der Pflanzensamen erfolgen. Dabei können die Öle, Fette, Lipide und/oder freien Fettsäuren durch sogenanntes kalt schlagen oder kalt pressen ohne Zuführung von Wärme durch Pressen gewonnen werden. Damit sich die Pflanzenteile speziell die Samen leichter aufschließen lassen, werden sie vor-  
30 her zerkleinert, gedämpft oder geröstet. Die so vorbehandelten Samen können anschließend gepresst werden oder mit Lösungsmittel wie warmen Hexan extrahiert werden. Anschließend wird das Lösungsmittel wieder entfernt. Auf diese Weise können mehr als 96 % der im Verfahren hergestellten Verbindungen isoliert  
35 werden. Anschließend werden die so erhaltenen Produkte weiter bearbeitet, das heißt raffiniert. Dabei werden zunächst die Pflanzenschleime und Trübstoffe. Die sogenannte Entschleimung kann enzymatisch oder beispielsweise chemisch/physikalisch durch Zugabe von Säure wie Phosphorsäure erfolgen. Anschließend werden  
40 die freien Fettsäuren durch Behandlung mit einer Base beispielsweise Natronlauge entfernt. Das erhaltene Produkt wird zur Entfernung der im Produkt verbliebenen Lauge mit Wasser gründlich gewaschen und getrocknet. Um die noch im Produkt enthaltenen Farbstoffe zu entfernen werden die Produkte einer Bleichung mit  
45 beispielsweise Bleicherde oder Aktivkohle unterzogen. Zum Schluss

wird das Produkt noch beispielsweise mit Wasserdampf noch desodoriert.

Vorzugsweise sind die durch dieses Verfahren produzierten PUFAs  
5 C<sub>18</sub>- oder C<sub>20-22</sub>-Fettsäuremoleküle mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise drei, vier, bei Kombination mit einer weiteren Elongasen und einer  $\Delta$ -4 Desaturase fünf oder sechs Doppelbindungen. Diese C<sub>18</sub>- oder C<sub>20-22</sub>-Fettsäuremoleküle lassen sich aus dem Organismus in Form eines Öls, Lipids  
10 oder einer freien Fettsäure isolieren. Geeignete Organismen sind beispielsweise die vorstehend erwähnten. Bevorzugte Organismen sind transgene Pflanzen.

Eine erfindungsgemäße Ausführungsform sind Öle, Lipide oder Fettsäuren oder Fraktionen davon, die durch das oben beschriebene  
15 Verfahren hergestellt worden sind, besonders bevorzugt Öl, Lipid oder eine Fettsäurezusammensetzung, die PUFAs umfassen und von transgenen Pflanzen herrühren.

20 Eine weitere erfindungsgemäße Ausführungsform ist die Verwendung des Öls, Lipids oder der Fettsäurezusammensetzung in Futtermitteln, Nahrungsmitteln, Kosmetika oder Pharmazeutika.

Unter dem Begriff "Öl" oder "Fett" wird ein Fettsäuregemisch  
25 verstanden, das ungesättigte, gesättigte, vorzugsweise veresterte Fettsäure(n) enthält. Bevorzugt ist, dass das Öl oder Fett einen hohen Anteil an ungesättigter, unkonjugierter veresteter Fettsäure(n), insbesondere Linolsäure,  $\gamma$ -Linolensäure, Dihomo- $\gamma$ -linolensäure, Arachidonsäure,  $\alpha$ -Linolensäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure hat. Vorzugsweise ist der  
30 Anteil an ungesättigten veresterten Fettsäuren ungefähr 30 %, mehr bevorzugt ist ein Anteil von 50 %, noch mehr bevorzugt ist ein Anteil von 60 %, 70 %, 80 % oder mehr. Zur Bestimmung kann z.B. der Anteil an Fettsäure nach Überführung der Fettsäuren in  
35 die Methylestern durch Umesterung gaschromatographisch bestimmt werden. Das Öl oder Fett kann verschiedene andere gesättigte oder ungesättigte Fettsäuren, z.B. Calendulasäure, Palmitin-, Stearin-, Ölsäure etc., enthalten. Insbesondere kann je nach Ausgangspflanze der Anteil der verschiedenen Fettsäuren in dem Öl  
40 oder Fett schwanken.

Bei den im Verfahren hergestellten Verbindungen der Formel I, die mehrfach ungesättigte Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen enthalten, handelt es sich um Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide, Phospholipide, Monoacylglycerin,  
45 Diacylglycerin, Triacylglycerin oder sonstige Fettsäureester.

Aus den so im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Verbindungen der allgemeinen Formel I lassen sich die enthaltenden mehrfach ungesättigten Fettsäuren beispielsweise über eine Alkalibehandlung beispielsweise wäßrige KOH oder NaOH oder saure Hydrolyse vorteilhaft in Gegenwart eines Alkohols wie Methanol oder Ethanol oder über eine enzymatische Abspaltung freisetzen und isolieren über beispielsweise Phasentrennung und anschließender Ansäuerung über z.B.  $H_2SO_4$ . Die Freisetzung der Fettsäuren kann auch direkt ohne die vorhergehend beschriebene Aufarbeitung erfolgen.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren können nach Einbringung in eine Pflanzenzelle bzw. Pflanze entweder auf einem separaten Plasmid liegen oder in das Genom der Wirtszelle integriert sein. Bei Integration in das Genom kann die Integration zufallsgemäß sein oder durch derartige Rekombination erfolgen, dass das native Gen durch die eingebrachte Kopie ersetzt wird, wodurch die Produktion der gewünschten Verbindung durch die Zelle moduliert wird, oder durch Verwendung eines Gens in trans, so dass das Gen mit einer funktionellen Expressionseinheit, welche mindestens eine die Expression eines Gens gewährleistende Sequenz und mindestens eine die Polyadenylierung eines funktionell transkribierten Gens gewährleistende Sequenz enthält, funktionell verbunden ist. Vorteilhaft werden die Nukleinsäuren über Multiexpressionskassetten oder Konstrukte zur multiparallelen samenspezifischen Expression von Genen in die Pflanzen gebracht.

Moose und Algen sind die einzigen bekannten Pflanzensysteme, die erhebliche Mengen an mehrfach ungesättigten Fettsäuren, wie Arachidonsäure (ARA) und/oder Eicosapentaensäure (EPA) und/oder Docosahexaensäure (DHA) herstellen. Moose enthalten PUFAs in Membranlipiden während Algen, algenverwandte Organismen und einige Pilze auch nennenswerte Mengen an PUFAs in der Triacylglycerolfraktion akkumulieren. Daher eignen sich Nukleinsäuremoleküle, die aus solchen Stämmen isoliert werden, die PUFAs auch in der Triacylglycerolfraktion akkumulieren, besonders vorteilhaft für das erfindungsgemäße Verfahren und damit zur Modifikation des Lipid- und PUFA-Produktionssystems in einem Wirt, insbesondere Pflanzen, wie Ölfruchtpflanzen, beispielsweise Raps, Canola, Lein, Hanf, Soja, Sonnenblumen, Borretsch. Sie sind deshalb vorteilhaft im erfindungsgemäßen Verfahren verwendbar.

Die Herstellung einer Triensäure mit  $C_{18}$ -Kohlenstoffkette mithilfe von Desaturasen konnte bisher gezeigt werden. In diesen literaturbekannten Verfahren wurde die Herstellung von  $\gamma$ -Linolensäure beansprucht. Bisher konnte jedoch niemand die Herstellung sehr langkettiger mehrfach ungesättigter Fettsäuren (mit  $C_{20}$ - und

längerer Kohlenstoffkette sowie von Triensäuren und höher ungesättigten Typen) allein durch modifizierte Pflanzen zeigen.

- Zur Herstellung der erfindungsgemäßen langkettiger PUFAs müssen
- 5 die mehrfach ungesättigten C<sub>18</sub>-Fettsäuren zunächst durch die enzymatische Aktivität einer Desaturase zunächst desaturiert und anschließend über eine Elongase um mindestens zwei Kohlenstoffatome verlängert werden. Nach einer Elongationsrunde führt diese Enzymaktivität zu C<sub>20</sub>-Fettsäuren, und nach zwei oder drei
- 10 Elongationsrunden zu C<sub>22</sub>- oder C<sub>24</sub>-Fettsäuren. Die Aktivität der erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Desaturasen und Elongasen führt vorzugsweise zu C<sub>18</sub>-, C<sub>20</sub>- und/oder C<sub>22</sub>-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen, besonders bevor-
- 15 zugt zu C<sub>18</sub>- und/oder C<sub>20</sub>-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Molekül. Nachdem eine erste Desaturierung und die die Verlängerung stattgefunden hat, können weitere Desaturierungsschritte wie z.B. eine solche in  $\Delta$ -5-Position erfolgen.
- 20 Besonders bevorzugt als Produkte des erfindungsgemäßen Verfahrens sind Arachidonsäure und Eicosapentaensäure. Die C<sub>18</sub>-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure können durch die erfindungsgemäße enzymatische Aktivität in Form der freien Fettsäure oder in Form der Ester, wie Phospholipide, Glycolipide,
- 25 Sphingolipide, Phosphoglyceride, Monoacylglycerin, Diacylglycerin oder Triacylglycerin, verlängert werden.

- Unter der Verwendung von Klonierungsvektoren in Pflanzen und bei der Pflanzentransformation, wie denjenigen, die veröffentlicht
- 30 licht sind in und dort zitiert sind: Plant Molecular Biology and Biotechnology (CRC Press, Boca Raton, Florida), Kapitel 6/7, S. 71-119 (1993); F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, 15-38;
- 35 B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-143; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225)), lassen sich die Nukleinsäuren zur gentechnologischen Veränderung eines
- 40 breiten Spektrums an Pflanzen verwenden, so dass diese ein besserer oder effizienterer Produzent eines oder mehrerer von Lipiden hergeleiteter Produkte, wie PUFAs, wird. Diese verbesserte Produktion oder Effizienz der Produktion eines von Lipiden hergeleiteten Produktes, wie PUFAs, kann durch direkte
- 45 Wirkung der Manipulation oder eine indirekte Wirkung dieser Manipulation hervorgerufen werden.

## 17

Es gibt eine Reihe von Mechanismen, durch die die Veränderung eines erfindungsgemäßen Desaturase-Proteins die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer Feinchemikalie aus einer Ölfruchtpflanze oder einem Mikroorganismus aufgrund  
5 eines veränderten Proteins direkt beeinflussen kann. Die Anzahl oder Aktivität des Desaturase-Proteins oder -Gens sowie von Genkombinationen von Desaturasen und Elongasen kann erhöht sein, so dass größere Mengen dieser Verbindungen de novo hergestellt werden, weil den Organismen diese Aktivität und Fähigkeit zur  
10 Biosynthese vor dem Einbringen des entsprechenden Gens fehlte. Entsprechendes gilt für die Kombination mit weiteren Desaturasen oder Elongasen oder weiteren Enzymen aus dem Lipidstoffwechsel. Auch die Verwendung verschiedener divergenter, d.h. auf DNA-Sequenzebene unterschiedlicher Sequenzen kann dabei vorteilhaft  
15 sein bzw. die Verwendung von Promotoren zur Genexpression, die eine andere zeitliche Genexpression z.B. abhängig vom Reifegrad eines Samens oder Öl-speichernden Gewebes ermöglicht.

Durch das Einbringen eines Desaturase- und/oder Elongase-Gens  
20 oder mehrerer Desaturase- und Elongase-Gene in einen Organismus allein oder in Kombination mit anderen Genen in eine Zelle kann nicht nur den Biosynthesefluss zum Endprodukt erhöhen, sondern auch die entsprechende Triacylglycerin-Zusammensetzung erhöhen oder de novo schaffen. Ebenso kann die Anzahl oder Aktivität  
25 anderer Gene, die am Import von Nährstoffen, die zur Biosynthese einer oder mehrerer Feinchemikalien (z.B. Fettsäuren, polaren und neutralen Lipiden) nötig sind, erhöht sein, so dass die Konzentration dieser Vorläufer, Cofaktoren oder Zwischenverbindungen innerhalb der Zellen oder innerhalb des Speicher-  
30 kompartiments erhöht ist, wodurch die Fähigkeit der Zellen zur Produktion von PUFAs, wie im folgenden beschrieben, weiter gesteigert wird. Fettsäuren und Lipide sind selbst als Feinchemikalien wünschenswert; durch Optimierung der Aktivität oder Erhöhung der Anzahl einer oder mehrerer Desaturasen und/oder  
35 Elongasen, die an der Biosynthese dieser Verbindungen beteiligt sind, oder durch Zerstören der Aktivität einer oder mehrerer Desaturasen, die am Abbau dieser Verbindungen beteiligt sind, kann es möglich sein, die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion von Fettsäure- und Lipidmolekülen aus Pflanzen zu  
40 steigern.

Die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten isolierten Nukleinsäuremoleküle codieren für Proteine oder Teilen von diesen, wobei die Proteine oder das einzelne Protein oder Teilen  
45 davon eine Aminosäuresequenz enthält, die ausreichend homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 ist, so dass

## 18

das Protein oder der Teil davon eine Desaturase- oder Elongase-Aktivität beibehält. Vorzugsweise hat das Protein oder der Teil davon, das/der von dem Nukleinsäuremolekül kodiert wird, seine wesentliche enzymatische Aktivität und die Fähigkeit, am Stoffwechsel von zum Aufbau von Zellmembranen von Pflanzen notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über diese Membranen teilzunehmen. Vorteilhaft ist das von den Nukleinsäuremolekülen kodierte Protein zu mindestens etwa 50 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 % und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 %, 80 % oder 90 % und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32. Bevorzugt ist das Protein ein Volllängen-Protein, das im wesentlichen in Teilen homolog zu einer gesamten Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 (die von dem in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten offenen Leserahmen herrührt) ist. Im Sinne der Erfindung ist unter Homologie oder homolog, Identität oder identisch zu verstehen.

Unter wesentlicher enzymatischer Aktivität der verwendeten Desaturasen und der Elongase ist zu verstehen, dass sie gegenüber den durch die Sequenzen mit SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 codierten Proteinen/Enzymen im Vergleich noch mindestens eine enzymatische Aktivität von mindestens 10 %, bevorzugt 20 %, besonders bevorzugt 30 % und ganz besonders 40 % aufweisen und damit am Stoffwechsel von zum Aufbau von Fettsäuren in einer Pflanzenzelle notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über Membranen teilnehmen können, wobei desaturierte C<sub>18</sub>- oder C<sub>20-22</sub>-Kohlenstoffketten mit Doppelbindungen an mindestens zwei, vorteilhaft drei, vier oder fünf Stellen gemeint ist.

Vorteilhaft im Verfahren verwendbare Nukleinsäuren stammen aus Pilzen oder Pflanzen wie Algen oder Moosen wie den Gattungen *Physcomitrella*, *Thraustochytrium*, *Phytophthora*, *Ceratodon*, *Isochrysis*, *Aleurita*, *Muscarioides*, *Mortierella*, *Borago*, *Phaeodactylum*, *Crypthecodinium* oder aus Nematoden wie *Ceanorhabditis*, speziell aus den Gattungen und Arten *Physcomitrella patens*, *Phytophthora infestans*, *Ceratodon purpureus*, *Isochrysis galbana*, *Aleurita farinosa*, *Muscarioides viallii*, *Mortierella alpina*, *Borago officinalis*, *Phaeodactylum tricormutum* oder *Ceanorhabditis elegans*.



## 19

Alternativ können die verwendeten isolierten Nukleotidsequenzen für Desaturasen oder Elongasen codieren, die an eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 hybridisieren, z.B. unter stringenter Bedingungen hybridisieren.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen werden vorteilhaft in einer Expressionskassette, die die Expression der Nukleinsäuren in Pflanzen ermöglicht, eingebracht.

10

Vorteilhafte Expressionskassetten werden in SEQ ID NO: 33 bis 37 wiedergegeben. Dabei werden die für die Desaturasen und/oder die Elongasen codierenden Nukleinsäuresequenzen mit einem oder mehreren Regulationssignalen vorteilhafterweise zur Erhöhung der Genexpression funktionell verknüpft. Diese regulatorischen Sequenzen sollen die gezielte Expression der Gene und der Proteinexpression ermöglichen. Dies kann beispielsweise je nach Wirtsorganismus bedeuten, dass das Gen erst nach Induktion exprimiert und/oder überexprimiert wird, oder dass es sofort exprimiert und/oder überexprimiert wird. Beispielsweise handelt es sich bei diesen regulatorischen Sequenzen um Sequenzen an die Induktoren oder Repressoren binden und so die Expression der Nukleinsäure regulieren. Zusätzlich zu diesen neuen Regulationssequenzen oder anstelle dieser Sequenzen kann die natürliche Regulation dieser Sequenzen vor den eigentlichen Strukturgenen noch vorhanden sein und gegebenenfalls genetisch verändert worden sein, so dass die natürliche Regulation ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht wurde. Die Expressionskassette (= Expressionskonstrukt = Genkonstrukt) kann aber auch einfacher aufgebaut sein, das heißt es wurden keine zusätzlichen Regulationssignale vor die Nukleinsäuresequenz oder dessen Derivate inseriert und der natürliche Promotor mit seiner Regulation wurde nicht entfernt. Stattdessen wurde die natürliche Regulationssequenz so mutiert, dass keine Regulation mehr erfolgt und/oder die Genexpression gesteigert wird. Diese veränderten Promotoren können in Form von Teilsequenzen (= Promotor mit Teilen der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen) auch allein vor das natürliche Gen zur Steigerung der Aktivität gebracht werden. Das Genkonstrukt kann außerdem vorteilhafterweise auch eine oder mehrere sogenannte "enhancer Sequenzen" funktionell verknüpft mit dem Promotor enthalten, die eine erhöhte Expression der Nukleinsäuresequenz ermöglichen. Auch am 3'-Ende der DNA-Sequenzen können zusätzliche vorteilhafte Sequenzen inseriert werden wie weitere regulatorische Elemente oder Terminatoren.

Die  $\Delta 5$ -Desaturase-/ $\Delta 6$ -Desaturase und/oder  $\Delta 6$ -Elongase-Gene können in einer oder mehreren Kopien in der Expressionskassette (= Genkonstrukt) enthalten sein. Vorteilhaft liegt nur jeweils eine

Kopie der Gene in der Expressionskassette vor. Dieses Genkonstrukt oder die Genkonstrukte können zusammen im Wirtorganismus exprimiert werden. Dabei kann das Genkonstrukt oder die Genkonstrukte in einem oder mehreren Vektoren inseriert sein und frei in der Zelle vorliegen oder aber im Genom inseriert sein. Es ist vorteilhaft für die Insertion weiterer Gene im Wirtsgenom, wenn die zu exprimierenden Gene zusammen in einem Genkonstrukt vorliegen.

- 10 Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird.

- Eine weitere Ausführungsform der Erfindung sind ein oder mehrere Genkonstrukte, die eine oder mehrere Sequenzen enthalten, die durch Seq ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 definiert sind und gem. SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 Polypeptide kodieren. Die genannten Desaturasen führen dabei eine Doppelbindung in  $\Delta$ -5 oder  $\Delta$ -6-Position ein, wobei das Substrat ein, zwei, drei oder vier Doppelbindungen aufweisen. Die Elongase ( $\Delta$ -6-Elongase) besitzt eine Enzymaktivität, die eine Fettsäure um mindestens zwei Kohlenstoffatome verlängert. Gleiches gilt für ihre Homologen, Derivate oder Analoga, die funktionsfähig mit einem oder mehreren Regulationssignalen, vorteilhafterweise zur Steigerung der Genexpression, verbunden sind.

- Vorteilhafte Regulationssequenzen für das neue Verfahren liegen beispielsweise in Promotoren vor, wie dem cos-, tac-, trp-, tet-, trp-tet-, lpp-, lac-, lpp-lac-, lacI<sup>q</sup>-, T7-, T5-, T3-, gal-, trc-, ara-, SP6-,  $\lambda$ -P<sub>R</sub>- oder  $\lambda$ -P<sub>L</sub>-Promotor und werden vorteilhafterweise in Gram-negativen Bakterien angewendet. Weitere vorteilhafte Regulationssequenzen liegen beispielsweise in den Gram-positiven Promotoren amy und SPO2, in den Hefe- oder Pilzpromotoren ADC1, MF $\alpha$ , AC, P-60, CYC1, GAPDH, TEF, rp28, ADH oder in den Pflanzenpromotoren CaMV/35S [Franck et al., Cell 21 (1980) 285-294], PRP1 [Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993)], SSU, OCS, lib4, usp, STLS1, B33, nos oder im Ubiquitin- oder Phaseolin-Promotor vor. In diesem Zusammenhang vorteilhaft sind ebenfalls induzierbare Promotoren, wie die in EP-A-0 388 186 (Benzylsulfonamid-induzierbar), Plant J. 2, 1992:397-404 (Gatz et al., Tetra-cyclin-induzierbar), EP-A-0 335 528 (Abzisininsäure-induzierbar)

## 21

oder WO 93/21334 (Ethanol- oder Cyclohexenol-induzierbar) beschriebenen Promotoren. Weitere geeignete Pflanzenpromotoren sind der Promotor von cytosolischer FBPase oder der ST-LSI-Promotor der Kartoffel (Stockhaus et al., EMBO J. 8, 1989, 2445), der  
5 Phosphoribosylpyrophosphatamidotransferase-Promotor aus Glycine max (Genbank-Zugangsnr. U87999) oder der in EP-A-0 249 676 beschriebene nodienspezifische Promotor. Besonders vorteilhafte Promotoren sind Promotoren, welche die Expression in Geweben ermöglichen, die an der Fettsäurebiosynthese beteiligt sind. Ganz  
10 besonders vorteilhaft sind samenspezifische Promotoren, wie der ausführungsgemäße USP Promotor aber auch andere Promotoren wie der LeB4-, DC3, Phaseolin- oder Napin-Promotor. Weitere besonders vorteilhafte Promotoren sind samenspezifische Promotoren, die für monokotyle oder dikotyle Pflanzen verwendet werden können und  
15 in US 5,608,152 (Napin-Promotor aus Raps), WO 98/45461 (Oleosin-Promotor aus Arabidopsis), US 5,504,200 (Phaseolin-Promotor aus Phaseolus vulgaris), WO 91/13980 (Bce4-Promotor aus Brassica), von Bäumlein et al., Plant J., 2, 2, 1992:233-239 (LeB4-Promotor aus einer Leguminose) beschrieben sind, wobei sich  
20 diese Promotoren für Dikotyledonen eignen. Die folgenden Promotoren eignen sich beispielsweise für Monokotyledonen lpt-2- oder lpt-1-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230), Hordein-Promotor aus Gerste und andere, in WO 99/16890 beschriebene geeignete Promotoren.

## 25

Es ist im Prinzip möglich, alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen, wie die oben genannten, für das neue Verfahren zu verwenden. Es ist ebenfalls möglich und vorteilhaft, zusätzlich oder alleine synthetische Promotoren zu verwenden,  
30 besonders wenn sie eine Samen-spezifische Expression vermitteln, wie z.B. beschrieben in WO 99/16890.

Um einen besonders hohen Gehalt an PUFAs in transgenen Pflanzen zu erzielen, sollten die PUFA-Biosynthesegene vorteilhaft samen-  
35 spezifisch in Ölsaaten exprimiert werden. Hierzu können Samen-spezifische Promotoren verwendet werden, bzw. solche Promotoren die im Embryo und/oder im Endosperm aktiv sind. Samen-spezifische Promotoren können prinzipiell sowohl aus dikotyledonen als auch aus monokotyledonen Pflanzen isoliert werden. Im folgenden sind  
40 vorteilhafte bevorzugte Promotoren aufgeführt: USP (= unknown seed protein) und Vicilin (Vicia faba) [Bäumlein et al., Mol. Gen Genet., 1991, 225(3)], Napin (Raps) [US 5,608,152], Acyl-Carrier Protein (Raps) [US 5,315,001 und WO 92/18634], Oleosin (Arabidopsis thaliana) [WO 98/45461 und WO 93/20216], Phaseolin  
45 (Phaseolus vulgaris) [US 5,504,200], Bce4 [WO 91/13980], Leguminosen B4 (LegB4-Promotor) [Bäumlein et al., Plant J., 2, 2, 1992], Lpt2 und lpt1 (Gerste) [WO 95/15389 u. WO95/23230], Samen-

## 22

- spezifische Promotoren aus Reis, Mais u. Weizen [WO 99/16890], Amy32b, Amy 6-6 und Aleurain [US 5,677,474], Bce4 (Raps) [US 5,530,149], Glycinin (Soja) [EP 571 741], Phosphoenol-Pyruvatcarboxylase (Soja) [JP 06/62870], ADR12-2 (Soja) 5 [WO 98/08962], Isocitratlyase (Raps) [US 5,689,040] oder  $\beta$ -Amylase (Gerste) [EP 781 849].

- Die Pflanzengenexpression lässt sich auch über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 10 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeitspezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzier- 15 barer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397-404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

- Um eine stabile Integration der Biosynthesegene in die transgene Pflanze über mehrere Generation sicherzustellen, sollte 20 jede der im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für die  $\Delta$ -6-Desaturase, die  $\Delta$ -5-Desaturase oder die  $\Delta$ -6-Elongase codieren, unter der Kontrolle eines eigenen bevorzugt eines unterschiedlichen Promotors exprimiert werden, da sich wiederholende Sequenzmotive zu Instabilität der T-DNA bzw. zu Rekombinations- 25 ereignissen früheren können. Die Expressionskassette ist dabei vorteilhaft so aufgebaut, dass einem Promotor eine geeignete Schnittstelle zur Insertion der zu expremierenden Nukleinsäure folgt vorteilhaft in einem Polylinker anschließend gegebenenfalls ein Terminator hinter dem Polylinker liegt. Diese Abfolge wieder- 30 holt sich mehrfach bevorzugt drei-, vier- oder fünfmal, so dass bis zu fünf Gene in einem Konstrukt zusammengeführt werden und so zur Expression in die transgene Pflanze eingebracht werden können. Vorteilhaft wiederholt sich die Abfolge bis zu dreimal (siehe Sequenzprotokoll SEQ ID NO: 33 bis 37). Die Nukleinsäure- 35 sequenzen werden zur Expression über die geeignete Schnittstelle beispielsweise im Polylinker hinter den Promotor inseriert. Vorteilhaft hat jede Nukleinsäuresequenz ihren eigenen Promotor und gegebenenfalls ihren eigenen Terminator. Es ist aber auch möglich mehrere Nukleinsäuresequenzen hinter einem Promotor und ggf. 40 vor einem Terminator zu inserieren. Dabei ist die Insertionsstelle bzw. die Abfolge der inserierten Nukleinsäuren in der Expressionskassette nicht von entscheidender Bedeutung, das heißt eine Nukleinsäuresequenz kann an erster oder letzter Stelle in der Kassette inseriert sein, ohne dass dadurch die Expression 45 wesentlich beeinflusst wird. Es können in der Expressionskassette vorteilhaft unterschiedliche Promotoren wie beispielsweise der USP-, LegB4 oder DC3-Promotor und unterschiedliche Terminatoren

verwendet werden. Es ist aber auch möglich nur einen Promotortyp in der Kasette zu verwenden. Dies kann jedoch zu unerwünschten Rekombinationsereignissen führen.

- 5 Wie oben beschrieben sollte die Transkription der eingebrachten Gene vorteilhaft durch geeignete Terminatoren am 3'-Ende der eingebrachten Biosynthesegene (hinter dem Stoppcodon) abgebrochen werden. Verwendet werden kann hier z.B. der OCS1 Terminator. Wie auch für die Promotoren, so sollten hier für jedes Gen unterschiedliche Terminatorsequenzen verwendet werden.
- 10

- Das Genkonstrukt kann, wie oben beschrieben, auch weitere Gene umfassen, die in die Organismen eingebracht werden sollen. Es ist möglich und vorteilhaft, in die Wirtsorganismen Regulationsgene, wie Gene für Induktoren, Repressoren oder Enzyme, welche durch ihre Enzymaktivität in die Regulation eines oder mehrerer Gene eines Biosynthesewegs eingreifen, einzubringen und darin zu exprimieren. Diese Gene können heterologen oder homologen Ursprungs sein. Weiterhin können vorteilhaft im Nukleinsäurekonstrukt bzw. Genkonstrukt weitere Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthalten sein oder aber diese Gene können auf einem weiteren oder mehreren weiteren Nukleinsäurekonstrukten liegen. Vorteilhaft werden als Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ein Gen ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylasen, Lipoxxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n) oder deren Kombinationen verwendet.
- 15
- 20
- 25
- 30

- Dabei können die vorgenannten Desaturasen in Kombination mit Elongasen und anderen Desaturasen in erfindungsgemäßen Expressionskassetten kloniert werden und zur Transformation von Pflanzen mithilfe von Agrobakterium eingesetzt werden.
- 35

- Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird. Die Expressionskassetten können prinzipiell direkt zum Einbringen
- 40
- 45

in die Pflanze verwendet werden oder aber in einen Vektoren eingebracht werden.

Diese vorteilhaften Vektoren, vorzugsweise Expressionsvektoren, 5 enthalten die im Verfahren verwendeten Nukleinsäure, die für  $\Delta$ -5- oder  $\Delta$ -6-Desaturen oder  $\Delta$ -6-Elonagasen codieren, oder ein Nukleinsäurekonstrukt, die die verwendeten Nukleinsäure allein oder in Kombination mit weiteren Biosynthesegenen des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels. Wie hier verwendet, betrifft 10 der Begriff "Vektor" ein Nukleinsäuremolekül, das eine andere Nukleinsäure transportieren kann, an welche es gebunden ist. Ein Vektortyp ist ein "Plasmid", was für eine zirkuläre doppelsträngige DNA-Schleife steht, in die zusätzlichen DNA-Segmente ligiert werden können. Ein weiterer Vektortyp ist ein viraler 15 Vektor, wobei zusätzliche DNA-Segmente in das virale Genom ligiert werden können. Bestimmte Vektoren können in einer Wirtszelle, in die sie eingebracht worden sind, autonom replizieren (z.B. Bakterienvektoren mit bakteriellem Replikationsursprung). Andere Vektoren werden vorteilhaft beim Einbringen in die Wirts- 20 zelle in das Genom einer Wirtszelle integriert und dadurch zusammen mit dem Wirtsgenom repliziert. Zudem können bestimmte Vektoren die Expression von Genen, mit denen sie funktionsfähig verbunden sind, steuern. Diese Vektoren werden hier als "Expressionsvektoren" bezeichnet. Gewöhnlich haben Expressions- 25 vektoren, die für DNA-Rekombinationstechniken geeignet sind, die Form von Plasmiden. In der vorliegenden Beschreibung können "Plasmid" und "Vektor" austauschbar verwendet werden, da das Plasmid die am häufigsten verwendete Vektorform ist. Die Erfindung soll jedoch diese anderen Expressionsvektorformen, 30 wie virale Vektoren, die ähnliche Funktionen ausüben, umfassen. Ferner soll der Begriff Vektor auch andere Vektoren, die dem Fachmann bekannt sind, wie Phagen, Viren, wie SV40, CMV, TMV, Transposons, IS-Elemente, Phasmide, Phagemide, Cosmide, lineare oder zirkuläre DNA, umfassen.

35

Die im Verfahren vorteilhaft verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren umfassen die die unten beschriebenen Nukleinsäuren oder das oben beschriebene Genkonstrukt in einer Form, die sich zur Expression der verwendeten Nukleinsäuren in 40 einer Wirtszelle eignen, was bedeutet, dass die rekombinanten Expressionsvektoren eine oder mehrere Regulationssequenzen, ausgewählt auf der Basis der zur Expression zu verwendenden Wirtszellen, die mit der zu exprimierenden Nukleinsäuresequenz funktionsfähig verbunden ist, umfasst. In einem rekombinanten 45 Expressionsvektor bedeutet "funktionsfähig verbunden", dass die Nukleotidsequenz von Interesse derart an die Regulationssequenz(en) gebunden ist, dass die Expression der Nukleotid-

sequenz möglich ist und sie aneinander gebunden sind, so dass beide Sequenzen die vorhergesagte, der Sequenz zugeschriebene Funktion erfüllen (z.B. in einem In-vitro-Transkriptions-/Translationssystem oder in einer Wirtszelle, wenn der Vektor in die Wirtszelle eingebracht wird). Der Begriff "Regulationssequenz" soll Promotoren, Enhancer und andere Expressionskontrollelemente (z.B. Polyadenylierungssignale) umfassen. Diese Regulationssequenzen sind z.B. beschrieben in Goeddel: Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990), oder siehe: Gruber und Crosby, in: Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, CRC Press, Boca Raton, Florida, Hrsgb.: Glick und Thompson, Kapitel 7, 89-108, einschließlich der Literaturstellen darin. Regulationssequenzen umfassen solche, welche die konstitutive Expression einer Nukleotidsequenz in vielen Wirtszelltypen steuern, und solche, welche die direkte Expression der Nukleotidsequenz nur in bestimmten Wirtszellen unter bestimmten Bedingungen steuern. Der Fachmann weiß, dass die Gestaltung des Expressionsvektors von Faktoren, wie der Auswahl der zu transformierenden Wirtszelle, dem Ausmaß der Expression des gewünschten Proteins usw., abhängen kann.

Die verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren können zur Expression von Desaturasen und Elongasen in prokaryotischen oder eukaryotischen Zellen gestaltet sein. Dies ist vorteilhaft, da häufig Zwischenschritte der Vektorkonstruktion der Einfachheit halber in Mikroorganismen durchgeführt werden. Beispielsweise können Desaturase- und/oder Elongase-Gene in bakteriellen Zellen, Insektenzellen (unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren), Hefe- und anderen Pilzzellen (siehe Romanos, M.A., et al. (1992) "Foreign gene expression in yeast: a review", Yeast 8:423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J., et al. (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi", in: More Gene Manipulations in Fungi, J.W. Bennet & L.L. Lasure, Hrsgb., S. 396-428: Academic Press: San Diego; und van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy, J.F., et al., Hrsgb., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge), Algen (Falciatore et al., 1999, Marine Biotechnology.1, 3:239-251), Ciliaten der Typen: Holotrichia, Peritrichia, Spirotrichia, Suctoria, Tetrahymena, Paramecium, Colpidium, Glaucoma, Platyophrya, Potomacus, Desaturase-udocohnilembus, Euplotes, Engelmaniella und Stylonychia, insbesondere der Gattung Stylonychia lemnae, mit Vektoren nach einem Transformationsverfahren, wie beschrieben in WO 98/01572, sowie bevorzugt in Zellen vielzelliger Pflanzen (siehe Schmidt, R. und Willmitzer, L. (1988) "High efficiency Agrobacterium tumefaciens-

- mediated transformation of *Arabidopsis thaliana* leaf and cotyledon explants" Plant Cell Rep.:583-586; Plant Molecular Biology and Biotechnology, C Press, Boca Raton, Florida, Kapitel 6/7, S.71-119 (1993); F.F. White, B. Jenes et al., Techniques for
- 5 Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-43; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225 (und darin zitierte Literaturstellen)) exprimiert werden. Geeignete Wirtszellen werden ferner erörtert in Goeddel,
- 10 Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990). Der rekombinante Expressionsvektor kann alternativ, zum Beispiel unter Verwendung von T7-Promotor-Regulationssequenzen und T7-Polymerase, in vitro transkribiert und translatiert werden.
- 15 Die Expression von Proteinen in Prokaryoten erfolgt meist mit Vektoren, die konstitutive oder induzierbare Promotoren enthalten, welche die Expression von Fusions- oder nicht-Fusionsproteinen steuern. Typische Fusions-Expressionsvektoren sind
- 20 u.a. pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith, D.B., und Johnson, K.S. (1988) Gene 67:31-40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) und pRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), bei denen Glutathion-S-Transferase (GST), Maltose E-bindendes Protein bzw. Protein A an das rekombinante Zielprotein fusioniert wird.
- 25 Beispiele für geeignete induzierbare nicht-Fusions-E. coli-Expressionsvektoren sind u.a. pTrc (Amann et al. (1988) Gene 69:301-315) und pET 11d (Studier et al., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego,
- 30 Kalifornien (1990) 60-89). Die Zielgenexpression vom pTrc-Vektor beruht auf der Transkription durch Wirts-RNA-Polymerase von einem Hybrid-trp-lac-Fusionspromotor. Die Zielgenexpression aus dem pET 11d-Vektor beruht auf der Transkription von einem T7-gn10-lac-Fusions-Promotor, die von einer coexprimierten viralen RNA-Poly-
- 35 merase (T7 gn1) vermittelt wird. Diese virale Polymerase wird von den Wirtsstämmen BL21 (DE3) oder HMS174 (DE3) von einem residenten  $\lambda$ -Prophagen bereitgestellt, der ein T7 gn1-Gen unter der Transkriptionskontrolle des lacUV 5-Promotors birgt.
- 40 Andere in prokaryotischen Organismen geeignete Vektoren sind dem Fachmann bekannt, diese Vektoren sind beispielsweise in E. coli pLG338, pACYC184, die pBR-Reihe, wie pBR322, die pUC-Reihe, wie pUC18 oder pUC19, die M13mp-Reihe, pKC30, pRep4, pHS1, pHS2, pPLc236, pMBL24, pLG200, pUR290, pIN-III<sup>113</sup>-B1,  $\lambda$ gt11 or pBdCI,
- 45 in Streptomyces pIJ101, pIJ364, pIJ702 oder pIJ361, in Bacillus pUB110, pC194 oder pBD214, in Corynebacterium pSA77 oder pAJ667.



## 27

- Bei einer weiteren Ausführungsform ist der Expressionsvektor ein Hefe-Expressionsvektor. Beispiele für Vektoren zur Expression in der Hefe *S. cerevisiae* umfassen pYeDesaturasecl (Baldari et al. (1987) *Embo J.* 6:229-234), pMFa (Kurjan und Herskowitz (1982) *Cell* 30:933-943), pJRY88 (Schultz et al. (1987) *Gene* 54:113-123) sowie pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA). Vektoren und Verfahren zur Konstruktion von Vektoren, die sich zur Verwendung in anderen Pilzen, wie den filamentösen Pilzen, eignen, umfassen diejenigen, die eingehend beschrieben sind in: van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: *Applied Molecular Genetics of fungi*, J.F. Peberdy et al., Hrsgb., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge, oder in: *More Gene Manipulations in Fungi* [J.W. Bennet & L.L. Lasure, Hrsgb., S. 396-428: Academic Press: San Diego]. Weitere geeignete Hefevektoren sind beispielsweise pAG-1, YEp6, YEp13 oder pEMBLye23.

- Alternativ können die Desaturasen und/oder Elongasen in Insektenzellen unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren exprimiert werden. Baculovirus-Vektoren, die zur Expression von Proteinen in gezüchteten Insektenzellen (z.B. Sf9-Zellen) verfügbar sind, umfassen die pAc-Reihe (Smith et al. (1983) *Mol. Cell Biol.* 3:2156-2165) und die pVL-Reihe (Lucklow und Summers (1989) *Virology* 170:31-39).

- Die oben genannten Vektoren bieten nur einen kleinen Überblick über mögliche geeignete Vektoren. Weitere Plasmide sind dem Fachmann bekannt und sind zum Beispiel beschrieben in: *Cloning Vectors* (Hrsgb. Pouwels, P.H., et al., Elsevier, Amsterdam-New York-Oxford, 1985, ISBN 0 444 904018). Weitere geeignete Expressionssysteme für prokaryotische und eukaryotische Zellen siehe in den Kapiteln 16 und 17 von Sambrook, J., Fritsch, E.F., und Maniatis, T., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.

- Bei einer weiteren Ausführungsform können des Verfahrens können die Desaturasen und/oder Elongasen in einzelligen Pflanzenzellen (wie Algen), siehe Falciatore et al., 1999, *Marine Biotechnology* 1 (3):239-251 und darin zitierte Literaturangaben, und Pflanzenzellen aus höheren Pflanzen (z.B. Spermatophyten, wie Feldfrüchten) exprimiert werden. Beispiele für Pflanzen-Expressionsvektoren umfassen solche, die eingehend beschrieben sind in: Becker, D., Kemper, E., Schell, J., und Masterson, R. (1992) "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", *Plant Mol. Biol.* 20:1195-1197; und Bevan, M.W. (1984) "Binary Agrobacterium vectors for plant

transformation", Nucl. Acids Res. 12:8711-8721; Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15-38.

5

Eine Pflanzen-Expressionskassette enthält vorzugsweise Regulationssequenzen, welche die Genexpression in Pflanzenzellen steuern können und funktionsfähig verbunden sind, so dass jede Sequenz ihre Funktion, wie Termination der Transkription, erfüllen kann, beispielsweise Polyadenylierungssignale. Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind diejenigen, die aus Agrobacterium tumefaciens-t-DNA stammen, wie das als Octopinsynthase bekannte Gen 3 des Ti-Plasmids pTiACH5 (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984) 835ff.) oder funktionelle Äquivalente davon, aber auch alle anderen in Pflanzen funktionell aktiven Terminatoren sind geeignet.

Da die Pflanzengenexpression sehr oft nicht auf Transkriptionsebenen beschränkt ist, enthält eine Pflanzen-Expressionskassette vorzugsweise andere funktionsfähig verbunden Sequenzen, wie Translationsenhancer, beispielsweise die Overdrive-Sequenz, welche die 5'-untranslatierte Leader-Sequenz aus Tabakmosaikvirus, die das Protein/RNA-Verhältnis erhöht, enthält (Gallie et al., 1987, Nucl. Acids Research 15:8693-8711).

25

Die Pflanzengenexpression muss wie oben beschrieben funktionsfähig mit einem geeigneten Promotor verbunden sein, der die Genexpression auf rechtzeitige, zell- oder gewebespezifische Weise durchführt. Nutzbare Promotoren sind konstitutive Promotoren (Benfey et al., EMBO J. 8 (1989) 2195-2202), wie diejenigen, die von Pflanzenviren stammen, wie 35S CAMV (Franck et al., Cell 21 (1980) 285-294), 19S CaMV (siehe auch US 5352605 und WO 84/02913) oder Pflanzenpromotoren, wie der in US 4,962,028 beschriebene der kleinen Untereinheit der Rubisco.

35

Andere bevorzugte Sequenzen für die Verwendung zur funktionsfähigen Verbindung in Pflanzengenexpressions-Kassetten sind Targeting-Sequenzen, die zur Steuerung des Genproduktes in sein entsprechendes Zellkompartiment notwendig sind (siehe eine Übersicht in Kermode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285-423 und darin zitierte Literaturstellen), beispielsweise in die Vakuole, den Zellkern, alle Arten von Plastiden, wie Amyloplasten, Chloroplasten, Chromoplasten, den extrazellulären Raum, die Mitochondrien, das Endoplasmatische Retikulum, Ölkörper, Peroxisomen und andere Kompartimente von Pflanzenzellen.

45

Die Pflanzengenexpression lässt sich auch wie oben beschrieben über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich  
 5 besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeit-spezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetra-cyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397-404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

10

Auch Promotoren, die auf biotische oder abiotische Stressbedingungen reagieren, sind geeignete Promotoren, beispielsweise der pathogeninduzierte PRP1-Gen-Promotor (Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993) 361-366), der hitzeinduzierbare hsp80-  
 15 Promotor aus Tomate (US 5,187,267), der kälteinduzierbare Alpha-amylase-Promotor aus Kartoffel (WO 96/12814) oder der durch Wunden induzierbare pinII-Promotor (EP-A-0 375 091).

Es sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, welche die  
 20 Genexpression in Geweben und Organen herbeiführen, in denen die Lipid- und Ölbiosynthese stattfindet, in Samenzellen, wie den Zellen des Endosperms und des sich entwickelnden Embryos. Geeignete Promotoren sind der Napingen-Promotor aus Raps (US 5,608,152), der USP-Promotor aus Vicia faba (Baeumlein  
 25 et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3):459-67), der Oleosin-Promotor aus Arabidopsis (WO 98/45461), der Phaseolin-Promotor aus Phaseolus vulgaris (US 5,504,200), der Bce4-Promotor aus Brassica (WO 91/13980) oder der Legumin-B4-Promotor (LeB4; Baeumlein et al., 1992, Plant Journal, 2 (2):233-9) sowie  
 30 Promotoren, welche die samenspezifische Expression in Monokotyledonen-Pflanzen, wie Mais, Gerste, Weizen, Roggen, Reis usw. herbeiführen. Geeignete beachtenswerte Promotoren sind der lpt2- oder lpt1-Gen-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230) oder die in WO 99/16890 beschriebenen (Promotoren aus dem  
 35 Gersten-Hordein-Gen, dem Reis-Glutelin-Gen, dem Reis-Oryzin-Gen, dem Reis-Prolamin-Gen, dem Weizen-Gliadin-Gen, Weizen-Glutelin-Gen, dem Mais-Zein-Gen, dem Hafer-Glutelin-Gen, dem Sorghum-Kasirin-Gen, dem Roggen-Secalin-Gen).

40 Insbesondere kann die multiparallele Expression der im Verfahren verwendeten Desaturasen und/Elongasen allein oder in Kombination mit anderen Desaturasen oder Elongasen gewünscht sein. Die Einführung solcher Expressionskassetten kann über eine simultane Transformation mehrerer einzelner Expressionskonstrukte erfolgen  
 45 oder bevorzugt durch Kombination mehrerer Expressionskassetten auf einem Konstrukt. Auch können mehrere Vektoren mit jeweils

mehreren Expressionskassetten transformiert und auf die Wirtszelle übertragen werden.

- Ebenfalls besonders geeignet sind Promotoren, welche die plastidenspezifische Expression herbeiführen, da Plastiden das Kompartiment sind, in dem die Vorläufer sowie einige Endprodukte der Lipidbiosynthese synthetisiert werden. Geeignete Promotoren, wie der virale RNA-Polymerase-Promotor, sind beschrieben in WO 95/16783 und WO 97/06250, und der *clpP*-Promotor aus *Arabidopsis*, beschrieben in WO 99/46394.

- Vektor-DNA lässt sich in prokaryotische oder eukaryotische Zellen über herkömmliche Transformations- oder Transfektionstechniken einbringen. Die Begriffe "Transformation" und "Transfektion", Konjugation und Transduktion, wie hier verwendet, sollen eine Vielzahl von im Stand der Technik bekannten Verfahren zum Einbringen fremder Nukleinsäure (z.B. DNA) in eine Wirtszelle, einschließlich Calciumphosphat- oder Calciumchlorid-Coprecipitation, DEAE-Dextran-vermittelte Transfektion, Lipofektion, natürliche Kompetenz, chemisch vermittelter Transfer, Elektroporation oder Teilchenbeschuss, umfassen. Geeignete Verfahren zur Transformation oder Transfektion von Wirtszellen, einschließlich Pflanzenzellen, lassen sich finden in Sambrook et al. (Molecular Cloning: A Laboratory Manual., 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) und anderen Labor-Handbüchern, wie Methods in Molecular Biology, 1995, Bd. 44, Agrobacterium protocols, Hrsgb: Gartland und Davey, Humana Press, Totowa, New Jersey.

- Wirtszellen, die im Prinzip zum Aufnehmen der erfindungsgemäßen Nukleinsäure, des erfindungsgemäßen Genproduktes oder des erfindungsgemäßen Vektors geeignet sind, sind alle prokaryotischen oder eukaryotischen Organismen. Die vorteilhafterweise verwendeten Wirtsorganismen sind Organismen, wie Bakterien, Pilze, Hefen oder Pflanzenzellen vorzugsweise Pflanzen oder Teile davon. Pilze, Hefen oder Pflanzen werden vorzugsweise verwendet, besonders bevorzugt Pflanzen, ganz besonders bevorzugt Pflanzen, wie Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Raps, Nachtkerze, Hanf, Diestel, Erdnuss, Canola, Lein, Soja, Safflor, Sonnenblume, Borretsch, oder Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), *Salix*-Arten, Bäume (Ölplume, Kokosnuss) sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Besonders bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfrucht-

pflanzen, wie Soja, Erdnuß, Raps, Canola, Lein, Hanf, Nachtkerze, Sonnenblume, Safflor, Bäume (Ölpalme, Kokosnuß).

Im erfindungsgemäßen Verfahren werden vorteilhaft Nuklein-  
5 säuresequenzen verwendet, die für die Polypeptide mit  
einer  $\Delta$ -6-Desaturaseaktivität,  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität oder  
 $\Delta$ -5-Desaturaseaktivität codierenden, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1,  
10 SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9,  
SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17,  
SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25,  
SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten  
Sequenz,  
15
- b) Nukleinsäuresequenzen, die aufgrund des degenerierten  
genetischen Codes durch Rückübersetzung der in SEQ ID NO: 2,  
SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10,  
SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18,  
20 SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26,  
SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten  
Aminosäuresequenzen erhalten werden,
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5,  
25 SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13,  
SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21,  
SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29  
oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die  
für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4,  
30 SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12,  
SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20,  
SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28,  
SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäure-  
sequenzen codieren und mindestens 50 % Homologie auf Amino-  
35 säureebene aufweisen, ohne daß die enzymatische Wirkung der  
Polypeptide wesentlich reduziert ist.

Die oben genannte erfindungsgemäße Nukleinsäure stammt von  
Organismen, wie Tieren, Ciliaten, Pilzen, Pflanzen wie Algen  
40 oder Dinoflagellaten, die PUFAs synthetisieren können.

Der Begriff "Nukleinsäure(molekül)", wie hier verwendet, umfasst  
zudem die am 3'- und am 5'-Ende des kodierenden Genbereichs  
gelegene untranslatierte Sequenz: mindestens 500, bevorzugt 200,  
45 besonders bevorzugt 100 Nukleotide der Sequenz stromaufwärts des  
5'-Endes des kodierenden Bereichs und mindestens 100, bevorzugt  
50, besonders bevorzugt 20 Nukleotide der Sequenz stromabwärts

- des 3'-Endes des kodierenden Genbereichs. Ein "isoliertes" Nukleinsäuremolekül wird von anderen Nukleinsäuremolekülen abgetrennt, die in der natürlichen Quelle der Nukleinsäure vorliegen. Eine "isolierte" Nukleinsäure hat vorzugsweise keine Sequenzen,
- 5 welche die Nukleinsäure in der genomischen DNA des Organismus, aus dem die Nukleinsäure stammt, natürlicherweise flankieren (z.B. Sequenzen, die sich an den 5'- und 3'-Enden der Nukleinsäure befinden). Bei verschiedenen Ausführungsformen kann das isolierte Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuremolekül zum Bei-
- 10 spiel weniger als etwa 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5 kb oder 0,1 kb an Nukleotidsequenzen enthalten, die natürlicherweise das Nukleinsäuremolekül in der genomischen DNA der Zelle, aus der die Nukleinsäure stammt flankieren.
- 15 Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuremoleküle, z.B. ein Nukleinsäuremolekül mit einer Nukleotidsequenz der SEQ ID NO:1 oder eines Teils davon, kann unter Verwendung molekularbiologischer Standardtechniken und der hier bereitgestellten Sequenzinformation isoliert werden. Auch kann mithilfe von Ver-
- 20 gleichsalgorithmen beispielsweise eine homologe Sequenz oder homologe, konservierte Sequenzbereiche auf DNA oder Aminosäureebene identifiziert werden. Diese können als Hybridisierungs-sonde sowie Standard-Hybridisierungstechniken (wie z.B. beschrieben in Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual.
- 25 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) zur Isolierung weiterer im Verfahren nützlicher Nukleinsäuresequenzen verwendet werden. Überdies lässt sich ein Nukleinsäuremolekül, umfassend eine vollständige Sequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13,
- 30 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion isolieren, wobei Oligonukleotidprimer, die auf der Basis dieser Sequenz oder von Teilen davon, verwendet werden (z.B. kann ein Nukleinsäuremolekül, umfassend die vollständigen Sequenz oder einen Teil davon, durch Poly-
- 35 merasekettenreaktion unter Verwendung von Oligonukleotidprimern isoliert werden, die auf der Basis dieser gleichen Sequenz erstellt worden sind). Zum Beispiel lässt sich mRNA aus Zellen isolieren (z.B. durch das Guanidiniumthiocyanat-Extraktionsverfahren von Chirgwin et al. (1979) Biochemistry 18:5294-5299)
- 40 und cDNA mittels Reverser Transkriptase (z.B. Moloney-MLV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Gibco/BRL, Bethesda, MD, oder AMV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Seikagaku America, Inc., St. Petersburg, FL) herstellen. Synthetische Oligonukleotidprimer zur Amplifizierung mittels Polymerasekettenreaktion lassen
- 45 sich auf der Basis einer der in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 sowie der in Figur 5a gezeigten Sequenzen oder mithilfe der in SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8,

## 33

10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 dargestellten Aminosäuresequenzen erstellen. Eine erfindungsgemäße Nukleinsäure kann unter Verwendung von cDNA oder alternativ von genomischer DNA als Matrize und geeigneten Oligonukleotidprimern gemäß

5 Standard-PCR-Amplifikationstechniken amplifiziert werden. Die so amplifizierte Nukleinsäure kann in einen geeigneten Vektor kloniert werden und mittels DNA-Sequenzanalyse charakterisiert werden. Oligonukleotide, die einer Desaturase-Nukleotidsequenz entsprechen, können durch Standard-Syntheseverfahren, beispielsweise

10 weise mit einem automatischen DNA-Synthesegerät, hergestellt werden.

Homologe der verwendeten Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuresequenzen mit der Sequenz SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13,

15 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeutet beispielsweise allelische Varianten mit mindestens etwa 50 bis 60 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70 %, stärker bevorzugt mindestens etwa 70 bis 80 %, 80 bis 90 % oder 90 bis 95 % und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder

20 mehr Homologie zu einer in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen oder ihren Homologen, Derivaten oder Analoga oder Teilen davon. Weiterhin sind isolierte Nukleinsäuremoleküle einer Nukleotidsequenz, die an eine der in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15,

25 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen oder einen Teil davon hybridisieren, z.B. unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Allelische Varianten umfassen insbesondere funktionelle Varianten, die sich durch Deletion, Insertion oder Substitution von Nukleotiden aus/in der in

30 SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 dargestellten Sequenz erhalten lassen, wobei aber die Absicht ist, dass die Enzymaktivität der davon herrührenden synthetisierten Proteine für die Insertion eines oder mehrerer Gene vorteilhafterweise beibehalten wird. Proteine, die noch die

35 enzymatische Aktivität der Desaturase oder Elongase besitzen, das heißt deren Aktivität im wesentlichen nicht reduziert ist, bedeutet Proteine mit mindestens 10 %, vorzugsweise 20 %, besonders bevorzugt 30 %, ganz besonders bevorzugt 40 % der ursprünglichen Enzymaktivität, verglichen mit dem durch

40 SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 kodierten Protein.

Homologen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeuten beispielsweise auch bakterielle,

45 Pilz- und Pflanzenhomologen, verkürzte Sequenzen, einzelsträngige DNA oder RNA der kodierenden und nicht-kodierenden DNA-Sequenz.

## 34

Homologen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeutet auch Derivate, wie beispielsweise Promotorvarianten. Die Promotoren stromaufwärts der angegebenen Nukleotidsequenzen können durch einen oder mehrere Nukleotidaustausche, durch Insertion(en) und/oder Deletion(en) modifiziert werden, ohne dass jedoch die Funktionalität oder Aktivität der Promotoren gestört wird. Es ist weiterhin möglich, dass die Aktivität der Promotoren durch Modifikation ihrer Sequenz erhöht ist oder dass sie vollständig durch aktivere Promotoren, sogar aus heterologen Organismen, ersetzt werden.

Die vorgenannten Nukleinsäuren und Proteinmoleküle mit Desaturase- oder Elongaseaktivität, die am Stoffwechsel von Lipiden und Fettsäuren, PUFA-Cofaktoren und Enzymen oder am Transport lipophiler Verbindungen über Membranen beteiligt sind, werden im erfindungsgemäßen Verfahren zur Modulation der Produktion von Verbindungen der allgemeinen Formel I in transgenen Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Sojabohne, Erdnuss, Baumwolle, Linum Arten wie Öl- oder Faserlein, Brassica-Arten, wie Raps, Canola und Rübsen, Pfeffer, Sonnenblume, Borretsch, Nachtkerze und Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Maniok, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss) und ausdauernden Gräsern und Futterfeldfrüchten, entweder direkt (z.B. wenn die Überexpression oder Optimierung eines Fettsäurebiosynthese-Proteins einen direkten Einfluss auf die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion der Fettsäure aus modifizierten Organismen hat) verwenden und/oder können eine indirekt Auswirkung haben, die dennoch zu einer Steigerung der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer gewünschten Verbindung oder einer Abnahme unerwünschter Verbindungen führt (z.B. wenn die Modulation des Stoffwechsels von Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen zu Veränderungen der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion oder der Zusammensetzung der gewünschten Verbindungen innerhalb der Zellen führt, was wiederum die Produktion einer oder mehrerer Fettsäuren beeinflussen kann).

Die Kombination verschiedener Vorläufermoleküle und Biosyntheseenzyme führt zur Herstellung verschiedener Fettsäuremoleküle, was eine entscheidende Auswirkung auf die Zusammensetzung der Lipide hat. Da mehrfach ungesättigte Fettsäuren (= PUFAs) nicht nur einfach in Triacylglycerin sondern auch in Membranlipide eingebaut werden.



- Die Lipidsynthese lässt sich in zwei Abschnitte unterteilen: die Synthese von Fettsäuren und ihre Bindung an sn-Glycerin-3-Phosphat sowie die Addition oder Modifikation einer polaren Kopfgruppe. Übliche Lipide, die in Membranen verwendet werden, 5 umfassen Phospholipide, Glycolipide, Sphingolipide und Phosphoglyceride. Die Fettsäuresynthese beginnt mit der Umwandlung von Acetyl-CoA in Malonyl-CoA durch die Acetyl-CoA-Carboxylase oder in Acetyl-ACP durch die Acetyltransacylase. Nach einer Kondensationsreaktion bilden diese beiden Produktmoleküle 10 zusammen Acetoacetyl-ACP, das über eine Reihe von Kondensations-, Reduktions- und Dehydratisierungsreaktionen umgewandelt wird, so dass ein gesättigtes Fettsäuremolekül mit der gewünschten Kettenlänge erhalten wird. Die Produktion der ungesättigten Fettsäuren aus diesen Molekülen wird durch spezifische Desaturasen katalysiert, und zwar entweder aerob mittels molekularem Sauerstoff oder anaerob (bezüglich der Fettsäuresynthese in Mikroorganismen siehe F.C. Neidhardt et al. (1996) E. coli und Salmonella. ASM Press: Washington, D.C., S. 612-636 und darin enthaltene Literaturstellen; Lengeler et al. (Hrsgb.) (1999) Biology of 20 Prokaryotes. Thieme: Stuttgart, New York, und die enthaltene Literaturstellen, sowie Magnuson, K., et al. (1993) Microbiological Reviews 57:522-542 und die enthaltenen Literaturstellen).
- 25 Vorläufer für die PUFA-Biosynthese sind beispielsweise Ölsäure, Linol- und Linolensäure. Diese C<sub>18</sub>-Kohlenstoff-Fettsäuren müssen auf C<sub>20</sub> und C<sub>22</sub> verlängert werden, damit Fettsäuren vom Eicosäure- und Docosa-Kettentyp erhalten werden. Mithilfe der im Verfahren verwendeten Desaturasen wie der  $\Delta$ -5- und  $\Delta$ -6-Desaturase und der 30  $\Delta$ -6-Elongase können Arachidonsäure und Eicosapentaensäure sowie verschiedene andere langkettige PUFAs erhalten, extrahiert und für verschiedene Zwecke bei Nahrungsmittel-, Futter-, Kosmetik- oder pharmazeutischen Anwendungen verwendet werden. Mit den genannten Enzymen können vorzugsweise C<sub>18</sub> + C<sub>20</sub> Fettsäuren mit 35 mindestens zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise zu C<sub>20</sub>-Fettsäuren mit vorteilhaft drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Fettsäuremolekül hergestellt werden. Die Desaturierung kann vor oder nach Elongation der entsprechenden Fettsäure erfolgen. Daher führen die Produkte der 40 Desaturaseaktivitäten und der möglichen weiteren Desaturierung und Elongation zu bevorzugten PUFAs mit höherem Desaturierungsgrad, einschließlich einer weiteren Elongation von C<sub>20</sub> zu C<sub>22</sub>-Fettsäuren, zu Fettsäuren wie  $\gamma$ -Linolensäure, Dihomo- $\gamma$ -linolensäure, Arachidonsäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure oder 45 Eicosapentaensäure. Substrate im erfindungsgemäßen Verfahren sind zum Beispiel Linolsäure,  $\gamma$ -Linolensäure,  $\alpha$ -Linolensäure, Dihomo- $\gamma$ -linolensäure, Eicosatetraensäure oder Stearidonsäure. Bevorzugte

## 36

Substrate sind Linolsäure,  $\gamma$ -Linolensäure und/oder  $\alpha$ -Linolensäure, dihomogamma-linolensäure bzw. Arachidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Die C<sub>18</sub>-oder C<sub>20</sub>-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure fallen im  
5 erfindungsgemäßen Verfahren in Form der freien Fettsäure oder in Form ihrer Ester (siehe Formel I) beispielsweise in Form ihrer Glyceride an.

Unter dem Begriff "Glycerid" wird ein mit ein, zwei oder drei  
10 Carbonsäureresten verestertes Glycerin verstanden (Mono-, Di- oder Triglycerid). Unter "Glycerid" wird auch ein Gemisch an verschiedenen Glyceriden verstanden. Das Glycerid oder das Glyceridgemisch kann weitere Zusätze, z.B. freie Fettsäuren, Antioxidantien, Proteine, Kohlenhydrate, Vitamine und/oder  
15 andere Substanzen enthalten.

Unter einem "Glycerid" im Sinne des erfindungsgemäßen Verfahrens werden ferner vom Glycerin abgeleitete Derivate verstanden. Dazu zählen neben den oben beschriebenen Fettsäureglyceriden auch  
20 Glycerophospholipide und Glyceroglycolipide. Bevorzugt seien hier die Glycerophospholipide wie Lecithin (Phosphatidylcholin), Cardiolipin, Phosphatidylglycerin, Phosphatidylserin und Alkylacylglycerophospholipide beispielhaft genannt.

25 Ferner müssen Fettsäuren anschließend an verschiedene Modifikationsorte transportiert und in das Triacylglycerin-Speicherlipid eingebaut werden. Ein weiterer wichtiger Schritt bei der Lipidsynthese ist der Transfer von Fettsäuren auf die polaren Kopfgruppen, beispielsweise durch Glycerin-Fettsäure-Acyl-  
30 transferase (siehe Frentzen, 1998, Lipid, 100(4-5):161-166).

Veröffentlichungen über die Pflanzen-Fettsäurebiosynthese, Desaturierung, den Lipidstoffwechsel und Membrantransport von fetthaltigen Verbindungen, die Betaoxidation, Fettsäure-  
35 modifikation und Cofaktoren, Triacylglycerin-Speicherung und -Assemblierung einschließlich der Literaturstellen darin siehe in den folgenden Artikeln: Kinney, 1997, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 19:149-166; Ohlrogge und Browse, 1995, Plant Cell 7:957-970; Shanklin und Cahoon, 1998, Annu. Rev. Plant  
40 Physiol. Plant Mol. Biol. 49:611-641; Voelker, 1996, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 18:111-13; Gerhardt, 1992, Prog. Lipid R. 31:397-417; Gühnemann-Schäfer & Kindl, 1995, Biochim. Biophys Acta 1256:181-186; Kunau et al., 1995, Prog. Lipid Res. 34:267-342; Stymne et al., 1993, in: Biochemistry and Molecular  
45 Biology of Membrane and Storage Lipids of Plants, Hrsgb.: Murata und Somerville, Rockville, American Society of Plant

Physiologists, 150-158, Murphy & Ross 1998, Plant Journal.  
13(1):1-16.

Die im Verfahren hergestellten PUFAs, umfassen eine Gruppe von  
5 Molekülen, die höhere Tiere nicht mehr synthetisieren können  
und somit aufnehmen müssen oder die höhere Tiere nicht mehr aus-  
reichend selbst herstellen können und somit zusätzlich aufnehmen  
müssen, obwohl sie leicht von anderen Organismen, wie Bakterien,  
synthetisiert werden, beispielsweise können Katzen Arachidonsäure  
10 nicht mehr synthetisieren..

Der Begriff "Desaturase oder Elongase" oder "Desaturase- oder  
Elongase-Polypeptid" im Sinne der Erfindung umfasst Proteine, die  
an der Desaturierung und Elongierung von Fettsäuren teilnehmen,  
15 sowie ihre Homologen, Derivaten oder Analoga. Die Begriffe  
Desaturase oder Elongase-Nukleinsäuresequenz(en) umfassen  
Nukleinsäuresequenzen, die eine Desaturase oder Elongase kodieren  
und bei denen ein Teil eine kodierende Region und ebenfalls  
entsprechende 5'- und 3'-untranslatierte Sequenzbereiche sein  
20 können. Die Begriffe Produktion oder Produktivität sind  
im Fachgebiet bekannt und beinhalten die Konzentration des  
Fermentationsproduktes (Verbindungen der Formel I), das in einer  
bestimmten Zeitspanne und einem bestimmten Fermentationsvolumen  
gebildet wird (z.B. kg Produkt pro Stunde pro Liter). Der Begriff  
25 Effizienz der Produktion umfasst die Zeit, die zur Erzielung  
einer bestimmten Produktionsmenge nötig ist (z.B. wie lange  
die Zelle zur Aufrichtung einer bestimmten Durchsatzrate einer  
Feinchemikalie benötigt). Der Begriff Ausbeute oder Produkt/  
Kohlenstoff-Ausbeute ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die  
30 Effizienz der Umwandlung der Kohlenstoffquelle in das Produkt  
(d.h. die Feinchemikalie). Dies wird gewöhnlich beispielsweise  
ausgedrückt als kg Produkt pro kg Kohlenstoffquelle. Durch Er-  
höhen der Ausbeute oder Produktion der Verbindung wird die Menge  
der gewonnenen Moleküle oder der geeigneten gewonnenen Moleküle  
35 dieser Verbindung in einer bestimmten Kulturmenge über einen  
festgelegten Zeitraum erhöht. Die Begriffe Biosynthese oder Bio-  
syntheseweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Synthese  
einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung,  
durch eine Zelle aus Zwischenverbindungen, beispielsweise in  
40 einem Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Die Begriffe  
Abbau oder Abbauweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die  
Spaltung einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Ver-  
bindung, durch eine Zelle in Abbauprodukte (allgemeiner gesagt,  
kleinere oder weniger komplexe Moleküle) beispielsweise in einem  
45 Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Der Begriff Stoff-  
wechsel ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die Gesamtheit der  
biochemischen Reaktionen, die in einem Organismus stattfinden.

## 38

Der Stoffwechsel einer bestimmten Verbindung (z.B. der Stoffwechsel einer Fettsäure) umfasst dann die Gesamtheit der Biosynthese-, Modifikations- und Abbauege dieser Verbindung in der Zelle, die diese Verbindung betreffen.

5

Bei einer weiteren Ausführungsform kodieren Derivate des erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküls Proteine mit mindestens 50 %, vorteilhaft etwa 50 bis 60 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70 % und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 bis 80 %, 10 80 bis 90 %, 90 bis 95 % und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr Homologie (= Identität) zu einer vollständigen Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32. Die Homologie der Aminosäuresequenz kann über den gesamten Sequenzbereich mit 15 dem Programm PileUp (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins et al., CABIOS, 5, 1989:151-153) oder BESTFIT oder GAP bestimmt (Henikoff, S. and Henikoff, J. G. (1992). Amino acid substitution matrices from protein blocks. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89: 10915-10919.)

20

Die Erfindung umfasst zudem Nukleinsäuremoleküle, die sich von einer der in SEQ ID NO: 1, 3, 5 oder 11 gezeigten Nukleotidsequenzen (und Teilen davon) aufgrund des degenerierten genetischen Codes unterscheiden und somit die gleiche Desaturase. 25 kodieren wie diejenige, die von den in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen kodiert wird.

Zusätzlich zu den in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 30 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Desaturase-Nukleotidsequenzen erkennt der Fachmann, dass DNA-Sequenzpolymorphismen, die zu Änderungen in den Aminosäuresequenzen der Desaturasen oder Elongasen führen, innerhalb einer Population existieren können. Diese genetischen Polymorphismen im Desaturase- oder Elongase-Gen 35 können zwischen Individuen innerhalb einer Population aufgrund von natürlicher Variation existieren. Diese natürlichen Varianten bewirken üblicherweise eine Varianz von 1 bis 5 % in der Nukleotidsequenz des Desaturase- oder Elongase-Gens. Sämtliche und alle dieser Nukleotidvariationen und daraus resultierende Aminosäure- 40 polymorphismen in der Desaturase oder Elongase, die das Ergebnis natürlicher Variation sind und die funktionelle Aktivität von Desaturasen oder Elongasen nicht verändern, sollen im Umfang der Erfindung enthalten sein.

45 Für das erfindungsgemäße Verfahren vorteilhafte Nukleinsäuremoleküle können auf der Grundlage ihrer Homologie zu den hier offenbarten Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuren unter Verwendung

der Sequenzen oder eines Teils davon als Hybridisierungssonde gemäß Standard-Hybridisierungstechniken unter stringenten Hybridisierungsbedingungen isoliert werden. Dabei können beispielsweise isolierte Nukleinsäuremoleküle verwendet werden, die mindestens 5 15 Nukleotide lang sind und unter stringenten Bedingungen mit dem Nukleinsäuremolekülen, die eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 umfassen, hybridisieren. Es können auch Nukleinsäuren mindestens 25, 50, 100, 250 oder mehr Nukleotide verwendet 10 werden. Der Begriff "hybridisiert unter stringenten Bedingungen", wie hier verwendet, soll Hybridisierungs- und Waschbedingungen beschreiben, unter denen Nukleotidsequenzen, die mindestens 60 % homolog zueinander sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Die Bedingungen sind vorzugsweise derart, dass Sequenzen, 15 die mindestens etwa 65 %, stärker bevorzugt mindestens etwa 70 % und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 75 % oder stärker zueinander homolog sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Diese stringenten Bedingungen sind dem Fachmann bekannt und lassen sich in Current Protocols in Molecular Biology, John 20 Wiley & Sons, N. Y. (1989), 6.3.1-6.3.6., finden. Ein bevorzugtes, nicht einschränkendes Beispiel für stringente Hybridisierungsbedingungen sind Hybridisierungen in 6 x Natriumchlorid/Natriumcitrat (sodium chloride/sodium citrate = SSC) bei etwa 45°C, gefolgt von einem oder mehreren Waschschritten in 0,2 x SSC, 25 0,1 % SDS bei 50 bis 65°C. Dem Fachmann ist bekannt, dass diese Hybridisierungsbedingungen sich je nach dem Typ der Nukleinsäure und, wenn beispielsweise organische Lösungsmittel vorliegen, hinsichtlich der Temperatur und der Konzentration des Puffers unterscheiden. Die Temperatur unterscheidet sich beispielsweise 30 unter "Standard-Hybridisierungsbedingungen" je nach dem Typ der Nukleinsäure zwischen 42°C und 58°C in wässrigem Puffer mit einer Konzentration von 0,1 bis 5 x SSC (pH 7,2). Falls organisches Lösungsmittel im obengenannten Puffer vorliegt, zum Beispiel 50 % Formamid, ist die Temperatur unter Standardbedingungen etwa 42°C. 35 Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:DNA-Hybride zum Beispiel 0,1 x SSC und 20°C bis 45°C, vorzugsweise zwischen 30°C und 45°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:RNA-Hybride zum Beispiel 0,1 x SSC und 30°C bis 55°C, vorzugsweise zwischen 45°C und 55°C. Die vorstehend 40 genannten Hybridisierungstemperaturen sind beispielsweise für eine Nukleinsäure mit etwa 100 bp (= Basenpaare) Länge und einem G + C-Gehalt von 50 % in Abwesenheit von Formamid bestimmt. Der Fachmann weiß, wie die erforderlichen Hybridisierungsbedingungen anhand von Lehrbüchern, wie dem vorstehend erwähnten oder aus den 45 folgenden Lehrbüchern Sambrook et al., "Molecular Cloning", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989; Hames und Higgins (Hrsgb.) 1985, "Nucleic Acids Hybridization: A Practical Approach", IRL Press at

Oxford University Press, Oxford; Brown (Hrsgb.) 1991, "Essential Molecular Biology: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford, bestimmt werden können.

- 5 Zur Bestimmung der prozentualen Homologie (= Identität) von zwei Aminosäuresequenzen (z.B. einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32) oder von zwei Nukleinsäuren (z.B. einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29  
10 oder 31) werden die Sequenzen zum Zweck des optimalen Vergleichs untereinander geschrieben (z.B. können Lücken in die Sequenz eines Proteins oder einer Nukleinsäure eingefügt werden, um ein optimales Alignment mit dem anderen Protein oder der anderen Nukleinsäure zu erzeugen). Die Aminosäurereste oder Nukleotide an  
15 den entsprechenden Aminosäurepositionen oder Nukleotidpositionen werden dann verglichen. Wenn eine Position in einer Sequenz durch den gleichen Aminosäurerest oder das gleiche Nukleotid wie die entsprechende Stelle in der anderen Sequenz belegt wird, dann sind die Moleküle an dieser Position homolog (d.h. Aminosäure-  
20 oder Nukleinsäure-"Homologie", wie hier verwendet, entspricht Aminosäure- oder Nukleinsäure-"Identität"). Die prozentuale Homologie zwischen den beiden Sequenzen ist eine Funktion der Anzahl an identischen Positionen, die den Sequenzen gemeinsam sind (d.h. % Homologie = Anzahl der identischen Positionen/Gesamtanzahl der  
25 Positionen x 100). Die Begriffe Homologie und Identität sind damit als Synonym anzusehen.

- Ein isoliertes Nukleinsäuremolekül, das eine Desaturase oder Elongase kodiert, die zu einer Proteinsequenz der SEQ ID NO: 2,  
30 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 homolog ist, kann durch Einbringen einer oder mehrerer Nukleotidsubstitutionen, -additionen oder -deletionen in eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 erzeugt werden, so dass eine oder mehrere  
35 Aminosäuresubstitutionen, -additionen oder -deletionen in das kodierte Protein eingebracht werden. Mutationen können in eine der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 durch Standardtechniken, wie stellenspezifische Mutagenese und PCR-vermittelte Mutagenese, ein-  
40 gebracht werden. Vorzugsweise werden konservative Aminosäuresubstitutionen an einer oder mehreren der vorhergesagten nicht-essentiellen Aminosäureresten hergestellt. Bei einer "konservativen Aminosäuresubstitution" wird der Aminosäurerest gegen einen Aminosäurerest mit einer ähnlichen Seitenkette ausgetauscht. Im Fachgebiet sind Familien von Aminosäureresten mit  
45 ähnlichen Seitenketten definiert worden. Diese Familien umfassen Aminosäuren mit basischen Seitenketten (z.B. Lysin, Arginin,

Histidin), sauren Seitenketten (z.B. Asparaginsäure, Glutaminsäure), ungeladenen polaren Seitenketten (z.B. Glycin, Asparagin, Glutamin, Serin, Threonin, Tyrosin, Cystein), unpolaren Seitenketten, (z.B. Alanin, Valin, Leucin, Isoleucin, Prolin, Phenylalanin, Methionin, Tryptophan), beta-verzweigten Seitenketten (z.B. Threonin, Valin, Isoleucin) und aromatischen Seitenketten (z.B. Tyrosin, Phenylalanin, Tryptophan, Histidin). Ein vorhergesagter nicht-essentieller Aminosäurerest in einer Desaturase oder Elongase wird somit vorzugsweise durch einen anderen Aminosäurerest aus der gleichen Seitenkettenfamilie ausgetauscht.

Alternativ können bei einer anderen Ausführungsform die Mutationen zufallsgemäß über die gesamte oder einen Teil der Desaturase-kodierenden Sequenz eingebracht werden, z.B. durch Sättigungsmutagenese, und die resultierenden Mutanten können nach der hier beschriebenen Desaturase-Aktivität durchmustert werden, um Mutanten zu identifizieren, die Desaturase- oder Elongase-Aktivität beibehalten. Nach der Mutagenese einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 kann das kodierte Protein rekombinant exprimiert werden, und die Aktivität des Proteins kann z.B. unter Verwendung der hier beschriebenen Tests bestimmt werden.

Diese Erfindung wird durch die nachstehenden Beispiele weiter veranschaulicht, die nicht als beschränkend aufgefaßt werden sollten. Der Inhalt sämtlicher in dieser Patentanmeldung zitierten Literaturstellen, Patentanmeldungen, Patente und veröffentlichten Patentanmeldungen ist hier durch Bezugnahme aufgenommen.

### 30 Beispielteil

#### Beispiel 1: Allgemeine Verfahren

##### a) Allgemeine Klonierungsverfahren:

Klonierungsverfahren, wie beispielsweise Restriktionsspaltungen, Agarosegelelektrophorese, Reinigung von DNA-Fragmenten, Transfer von Nukleinsäuren auf Nitrocellulose- und Nylonmembranen, Verbindung von DNA-Fragmenten, Transformation von Escherichia coli- und Hefe-Zellen, Anzucht von Bakterien und Sequenzanalyse rekombinanter DNA, wurden durchgeführt wie beschrieben in Sambrook et al. (1989) (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6) oder Kaiser, Michaelis und Mitchell (1994) "Methods in Yeast Genetics" (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-451-3).

## b) Chemikalien

Die verwendeten Chemikalien wurden, wenn im Text nicht anders angegeben, in p. A.-Qualität von den Firmen Fluka (Neu-Ulm),  
5 Merck (Darmstadt), Roth (Karlsruhe), Serva (Heidelberg) und Sigma (Deisenhofen) bezogen. Lösungen wurden unter Verwendung von reinem pyrogenfreiem Wasser, im nachstehenden Text als H<sub>2</sub>O bezeichnet, aus einer Milli-Q-Wassersystem-Wasserreinigungsanlage (Millipore, Eschborn) hergestellt. Restriktionsendo-  
10 nukleasen, DNA-modifizierende Enzyme und molekularbiologische Kits wurden bezogen von den Firmen AGS (Heidelberg), Amersham (Braunschweig), Biometra (Göttingen), Boehringer (Mannheim), Genomed (Bad Oeynhausen), New England Biolabs (Schwalbach/Taunus), Novagen (Madison, Wisconsin, USA), Perkin-Elmer  
15 (Weiterstadt), Pharmacia (Freiburg), Qiagen (Hilden) und Stratagene (Amsterdam, Niederlande). Wenn nicht anders angegeben, wurden sie nach den Anweisungen des Herstellers verwendet.

20 Beispiel 2: Isolierung von Gesamt-RNA und poly(A)<sup>+</sup>-RNA aus Pflanzen

Die Isolierung von Gesamt-RNA aus Pflanzen wie Lein und Raps etc. erfolgt nach einer bei Logemann et al. beschriebenen  
25 Methode (1987, Anal. Biochem. 163, 21) isoliert. Aus Moos kann die Gesamt-RNA Protonema-Gewebe nach dem GTC-Verfahren (Reski et al., 1994, Mol. Gen. Genet., 244:352-359) gewonnen werden.

## Beispiel 3: Transformation von Agrobacterium

30

Die Agrobacterium-vermittelte Pflanzentransformation kann zum Beispiel unter Verwendung des GV3101- (pMP90-) (Koncz und Schell, Mol. Gen. Genet. 204 (1986) 383-396) oder LBA4404- (Clontech) oder C58C1 pGV2260 (Deblaere et al. 1984, Nucl. Acids Res. 13,  
35 4777-4788) Agrobacterium tumefaciens-Stamms durchgeführt werden. Die Transformation kann durch Standard-Transformationstechniken durchgeführt werden (ebenfalls Deblaere et al. 1984).

## Beispiel 4: Pflanzentransformation

40

Die Agrobacterium-vermittelte Pflanzentransformation kann unter Verwendung von Standard-Transformations- und Regenerations-techniken durchgeführt werden (Gelvin, Stanton B., Schilperoort, Robert A., Plant Molecular Biology Manual, 2. Aufl., Dordrecht:  
45 Kluwer Academic Publ., 1995, in Sect., Ringbuc Zentrale Signatur: BT11-P ISBN 0-7923-2731-4; Glick, Bernard R., Thompson, John E.,



Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, Boca Raton: CRC Press, 1993, 360 S., ISBN 0-8493-5164-2).

Beispielsweise kann Raps mittels Kotyledonen- oder Hypokotyl-  
5 transformation transformiert werden (Moloney et al., Plant  
Cell 8 (1989) 238-242; De Block et al., Plant Physiol. 91 (1989)  
694-701). Die Verwendung von Antibiotika für die Agrobacterium-  
und Pflanzenselektion hängt von dem für die Transformation  
verwendeten binären Vektor und Agrobacterium-Stamm ab. Die  
10 Rapsselektion wird gewöhnlich unter Verwendung von Kanamycin  
als selektierbarem Pflanzenmarker durchgeführt.

Der Agrobacterium-vermittelte Gentransfer in Lein (*Linum  
usitatissimum*) lässt sich unter Verwendung von beispielsweise  
15 einer von Mlynarova et al. (1994) Plant Cell Report 13:282-285  
beschriebenen Technik durchführen.

Die Transformation von Soja kann unter Verwendung von beispiels-  
weise einer in EP-A-0 0424 047 (Pioneer Hi-Bred International)  
oder in EP-A-0 0397 687, US 5,376,543, US 5,169,770 (University  
20 Toledo) beschriebenen Technik durchgeführt werden.

Die Pflanzentransformation unter Verwendung von Teilchen-  
beschuss, Polyethylenglycol-vermittelter DNA-Aufnahme oder  
über die Siliziumcarbonatfaser-Technik ist beispielsweise bes-  
25 chrieben von Freeling und Walbot "The maize handbook" (1993)  
ISBN 3-540-97826-7, Springer Verlag New York).

#### Beispiel 5: Plasmide für die Pflanzentransformation

30 Zur Pflanzentransformation können binäre Vektoren, wie pBinAR  
(Höfgén und Willmitzer, Plant Science 66 (1990) 221-230) oder  
pGPTV (Becker et al 1992, Plant Mol. Biol. 20:1195-1197) ver-  
wendet werden. Die Konstruktion der binären Vektoren kann durch  
Ligation der cDNA in Sense- oder Antisense-Orientierung in  
35 T-DNA erfolgen. 5' der cDNA aktiviert ein Pflanzenpromotor die  
Transkription der cDNA. Eine Polyadenylierungssequenz befindet  
sich 3' von der cDNA. Die binären Vektoren können unterschied-  
liche Markergene tragen. Insbesondere kann das nptII-Markergen  
codierend für Kanamycin-Resistenz vermittelt durch Neomycin-  
40 phosphotransferase gegen die herbizidresistente Form eines  
Acetolactat Synthasegens (AHAS oder ALS) ausgetauscht werden.  
Das ALS-Gen ist beschrieben in Ott et al., J. Mol. Biol. 1996,  
263:359-360. Der v-ATPase-cl-Promotor kann in das Plasmid pBin19  
oder pGPTV kloniert werden und durch Klonierung vor das ALS  
45 Codierregion für die Markergenexpression genutzt werden. Der  
genannte Promotor entspricht einem 1153 Basenpaarfragment aus  
beta-Vulgaris (Plant Mol Biol, 1999, 39:463-475). Dabei können

sowohl Sulphonylharnstoffe als auch Imidazolinone wie Imazethapyr oder Sulphonylharnstoffe als Antimetaboliten zur Selektion verwendet werden.

- 5 Die gewebespezifische Expression lässt sich unter Verwendung eines gewebespezifischen Promotors erzielen. Beispielsweise kann die samenspezifische Expression erreicht werden, indem der DC3- oder der LeB4- oder der USP-Promotor oder der Phaseolin-Promotor 5' der cDNA einkloniert wird. Auch jedes andere samenspezifische
- 10 Promotorelement wie z.B. der Napin- oder Arcelin Promotor Goossens et al. 1999, Plant Phys. 120(4):1095-1103 und Gerhardt et al. 2000, Biochimica et Biophysica Acta 1490(1-2):87-98) kann verwendet werden. Zur konstitutiven Expression in der ganzen Pflanze lässt sich der CaMV-35S-Promotor oder ein v-ATPase C1
- 15 Promotor verwenden.

Insbesondere lassen sich Gene codierend für Desaturasen und Elongasen durch Konstruktion mehrerer Expressionskassetten hintereinander in einen binären Vektor klonieren, um den Stoffwechselweg

20 in Pflanzen nachzubilden.

Innerhalb einer Expressionskassette kann das zu exprimierende Protein unter Verwendung eines Signalpeptids, beispielsweise für Plastiden, Mitochondrien oder das Endoplasmatische Retikulum, in

25 ein zelluläres Kompartiment dirigiert werden (Kermode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285-423). Das Signalpeptid wird 5' im Leseraster mit der cDNA einkloniert, um die subzelluläre Lokalisierung des Fusionsprotein zu erreichen.

30 Beispiele für Multiexpressionskassetten sind im folgenden gegeben.

#### I.) Promotor-Terminator-Kassetten

- 35 Expressionskassetten bestehen aus wenigstens zwei funktionellen Einheiten wie einem Promotor und einem Terminator. Zwischen Promotor und Terminator können weitere gewünschte Gensequenzen wie Targetting-Sequenzen, Codierregionen von Genen oder Teilen davon etc. eingefügt werden. Zum Aufbau von Expressionskassetten
- 40 werden Promotoren und Terminatoren (USP Promotor: Bäumlein et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3):459-67); OCS Terminator: Gielen et al. EMBO J. 3 (1984) 835ff.) mithilfe der Polymerasekettenreaktion isoliert und mit flankierenden Sequenzen nach Wahl auf Basis von synthetischen Oligonukleotiden maßgeschneidert.

Folgende Oligonukleotide können beispielsweise verwendet werden:

- USP1 vorne: CCGGAATTCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA  
 USP2 vorne: CCGGAATTCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA  
 5 USP3 vorne: CCGGAATTCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA  
 USP1 hinten: AAAACTGCAGGCGGCCGCCACCGCGGTGGGCTGGCTATGAAGAAATT  
 USP2 hinten: CGCGGATCCGCTGGCTATGAAGAAATT  
 USP3 hinten: TCCCCCGGGATCGATGCCGCGCAGATCTGCTGGCTATGAAGAAATT  
 OCS1 vorne: AAAACTGCAGTCTAGAAGGCCTCCTGCTTTAATGAGATAT  
 10 OCS2 vorne: CGCGGATCCGATATCGGGCCCGCTAGCGTTAACCCTGCTTTAATGAGATAT  
 OCS3 vorne: TCCCCCGGGCCATGGCCTGCTTTAATGAGATAT  
 OCS1 hinten: CCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGAATTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA  
 OCS2 hinten: CCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGAATTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA  
 OCS3 hinten: CCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA

15

Die Methoden sind dem Fachmann auf dem Gebiet bekannt und sind allgemein literaturbekannt.

- In einem ersten Schritt werden ein Promotor und ein Terminator  
 20 über PCR amplifiziert. Dann wird der Terminator in ein Empfänger-  
 plasmid kloniert und in einem zweiten Schritt der Promotor vor  
 den Terminator inseriert. Mithin erhält man eine Expressions-  
 kassette auf einem Trägerplasmid. Auf Basis des Plasmides pUC19  
 werden die Plasmide pUT1, 2 und 3 erstellt.

25

- Die Konstrukte sind erfindungsgemäß in SEQ ID NO: 33, 34 bis 42  
 definiert. Sie enthalten den USP-Promotor und den OCS Terminator.  
 Auf Basis dieser Plasmide wird das Konstrukt pUT12 erstellt,  
 indem pUT1 mittels SalI/ScaI geschnitten wird und pUT2 mittels  
 30 XhoI/ScaI geschnitten wird. Die die Expressionskassetten enthal-  
 tenden Fragmente werden ligiert und in E. coli XLI blue MRF  
 transformiert. Es wird nach Vereinzellung ampicillinresistenter  
 Kolonien DNA präpariert und per Restriktionsanalyse solche Klone  
 identifiziert, die zwei Expressionskassetten enthalten. Die XhoI/  
 35 SalI Ligation kompatibler Enden hat dabei die beiden Schnitt-  
 stellen XhoI und SalI zwischen den Expressionskassetten elimi-  
 niert. Es resultiert das Plasmid pUT12, das in SEQ ID NO: 36  
 definiert ist. Anschließend wird pUT12 wiederum mittels Sal/ScaI  
 geschnitten und pUT3 mittels XhoI/ScaI geschnitten. Die die  
 40 Expressionskassetten enthaltenden Fragmente werden ligiert und  
 in E. coli XLI blue MRF transformiert. Es wird nach Vereinzellung  
 ampicillinresistenter Kolonien DNA präpariert und per Restrik-  
 tionsanalyse solche Klone identifiziert, die drei Expressions-  
 kassetten enthalten. Auf diese Weise wird ein Set von Multi-  
 45 expressionskassetten geschaffen, dass für die Insertion

gewünschter DNA genutzt werden kann und in Tabelle 1 beschrieben wird und zudem noch weitere Expressionskassetten aufnehmen kann.

Diese enthalten folgende Elemente:

5

Tabelle 1

	PUC19-Derivat	Schnittstellen vor dem USP Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
10	PUT1	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
	PUT2	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
	PUT3	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/ AscI/HindIII
15	PUT12 Doppel-expressions-kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI Und BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
20	PUT123 Tripel-expressions-kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	1. BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und 2. BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI und 3. BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/AscI/HindIII

Weiterhin lassen sich wie beschrieben und wie in Tabelle 2 näher  
spezifiziert weitere Multiexpressionskassetten mithilfe des

- i) USP-Promotors oder mithilfe des
- ii) 700 Basenpaare 3'-Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des
- iii) DC3-Promotors erzeugen und für samenspezifische Genexpression einsetzen.

Der DC3-Promotor ist beschrieben bei Thomas, Plant Cell 1996, 263:359-368 und besteht lediglich aus der Region -117 bis +26 weshalb er mithin einer der kleinsten bekannten samenspezifischen Promotoren darstellt. Die Expressionskassetten können mehrfach den selben Promotor enthalten oder aber über drei verschiedene Promotoren aufgebaut werden.

Dem Sequenzprotokoll SEQ ID NO: 43 bis 49 sind die für die Pflanzentransformation verwendeten Vektoren sowie die Sequenzen der inserierten Gene/Proteine zu entnehmen.

Vorteilhaft verwendete Polylinker- bzw. Polylinker-Terminator-Polylinker sind den Sequenzen SEQ ID NO: 50 bis 52 zu entnehmen.

Tabelle 2: Multiple Expressionskassetten

	Plasmidname des pUC19-Derivates	Schnittstellen vor dem jeweiligen Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
5	PUT1 (pUC19 mit USP-OCS1)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/PstI/XbaI/SnaI	SalI/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
	PDCT (pUC19 mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/HpaI	SalI/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
10	PleBT (pUC19-mit LeB4(700)-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/AscI/HindIII
15	PUD12 (pUC 19 mit mit USP-OCS1 und mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/SnaI und (2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/HpaI	SalI/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
20	PUDL123 Triple expression cassette (pUC19 mit USP/DC3 und LeB4-700)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/SnaI und (2) BamHI/ (EcoRV*)/ApaI/NheI/HpaI und (3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/AscI/HindIII

\* EcoRV Schnittstelle schneidet im 700 Basenpaarfragment des LeB4 Promotors (LeB4-700)

25

Analog lassen sich weitere Promotoren für Multigenkonstrukte erzeugen insbesondere unter Verwendung des

- a) 2,7 kB Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des  
 30 b) Phaseolin-Promotors oder mithilfe des  
 c) konstitutiven v-ATPase c1-Promotors.

Es kann insbesondere wünschenswert sein, weitere besonders geeignete Promotoren zum Aufbau samenspezifischer Multiexpressions-  
 35 kassetten wie z.B. den Napin-Promotor oder den Arcelin-5 Promotor zu verwenden.

II) Erstellung von Expressionskonstrukten, die Promotor, Terminator und gewünschte Gensequenz zur PUFA Genexpression  
 40 in pflanzlichen Expressionskassetten enthalten.

In pUT123 wird zunächst über BstXI und XbaI die  $\Delta$ -6-Elongase Pp\_PSE1 in die erste Kassette inseriert. Dann wird die  
 45  $\Delta$ -6-Desaturase aus Moos (Pp\_des6) über BamHI/NaeI in die zweite Kassette inseriert und schließlich die  $\Delta$ -5-Desaturase aus Phaeodactylum (Pt\_des5) über BglII/NcoI in die dritte Kassette inseriert. Das Dreifachkonstrukt erhält den Namen pARA1.

Unter Berücksichtigung sequenzspezifischer Restriktionsschnittstellen können weitere Expressionskassetten gemäß Tabelle 3 mit der Bezeichnung pARA2, pARA3 und pARA4 erstellt werden.

5 Tabelle 3: Kombinationen von Desaturasen und Elongasen

10	Gen Plasmid	$\Delta$ -6-Desaturase	$\Delta$ -5-Desaturase	$\Delta$ -6-Elongase
	pARA1	Pp_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
	pARA2	Pt_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
	pARA3	Pt_des6	Ce_des5	Pp_PSE1
	PARA4	Ce_des6	Ce_des5	Ce_PSE1

Pp = *Physcomitrella patens*, Pt = *Phaeodactylum tricornutum*

15 Pp\_PSE1 entspricht der Sequenz aus SEQ ID NO: 9.

PSE = PUFA spezifische  $\Delta$ -6-Elongase

Ce\_des5 =  $\Delta$ -5-Desaturase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank Acc. Nr. AF078796)

20 Ce\_des6 =  $\Delta$ -6-Desaturase aus *Caenorhabditis elegans elegans* (Genbank Acc. Nr. AF031477, Basen 11-1342)

Ce\_PSE1 =  $\Delta$ -6-Elongase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank Acc. Nr. AF244356, Basen 1-867)

25 Auch weitere Desaturasen oder Elongasegensequenzen können in Expressionskassetten beschriebener Art inseriert werden wie z.B. Genbank Acc. Nr. AF231981, NM\_013402, AF206662, AF268031, AF226273, AF110510 oder AF110509.

30 iii) Transfer von Expressionskassetten in Vektoren zur Transformation von *Agrobacterium tumefaciens* und zur Transformation von Pflanzen

35 Die so erstellten Konstrukte werden mittels AscI in den binären Vektor pGPTV inseriert. Die multiple Klonierungssequenz wird zu diesem Zweck um eine AscI Schnittstelle erweitert. Zu diesem Zweck wird der Polylinker als zwei doppelsträngige Oligonukleotide neu synthetisiert, wobei eine zusätzliche AscI DNA Sequenz eingefügt wird. Das Oligonukleotid wird mittels EcoRI und HindIII in den Vektor pGPTV inseriert. Die notwendigen Kloniertechniken sind dem Fachmann bekannt und können einfach wie in Beispiel 1  
40 beschrieben nachgelesen werden.

Beispiel 6: Untersuchung der Expression eines rekombinanten Genproduktes in einem transformierten Organismus

Die Aktivität eines rekombinanten Genproduktes im transformierten Wirtsorganismus kann auf der Transkriptions- und/oder der Translationsebene gemessen werden.

- Ein geeignetes Verfahren zur Bestimmung der Menge an Transkription des Gens (ein Hinweis auf die Menge an RNA, die für die Translation des Genproduktes zur Verfügung steht) ist die Durchführung eines Northern-Blots wie unten ausgeführt (als Bezugsstelle siehe Ausubel et al. (1988) Current Protocols in Molecular Biology, Wiley: New York, oder den oben erwähnten Beispielteil), wobei ein Primer, der so gestaltet ist, dass er an das Gen von Interesse bindet, mit einer nachweisbaren Markierung (gewöhnlich radioaktiv oder chemilumineszent) markiert wird, so dass, wenn die Gesamt-RNA einer Kultur des Organismus extrahiert, auf einem Gel aufgetrennt, auf eine stabile Matrix transferiert und mit dieser Sonde inkubiert wird, die Bindung und das Ausmaß der Bindung der Sonde das Vorliegen und auch die Menge der mRNA für dieses Gen anzeigt. Diese Information zeigt den Grad der Transkription des transformierten Gens an. Zelluläre Gesamt-RNA kann aus Zellen, Geweben oder Organen mit mehreren Verfahren; die alle im Fachgebiet bekannt sind, wie zum Beispiel das von Bormann, E.R., et al. (1992) Mol. Microbiol. 6:317-326 beschriebene, präpariert werden.

Northern-Hybridisierung:

- Für die RNA-Hybridisierung wurden 20 µg Gesamt-RNA oder 1 µg poly(A)<sup>+</sup>-RNA mittels Gelelektrophorese in Agarosegelen mit einer Stärke von 1,25 % unter Verwendung von Formaldehyd, wie beschrieben in Amasino (1986, Anal. Biochem. 152, 304) aufgetrennt, mittels Kapillaranziehung unter Verwendung von 10 x SSC auf positiv geladene Nylonmembranen (Hybond N+, Amersham, Braunschweig) übertragen, mittels UV-Licht immobilisiert und 3 Stunden bei 68°C unter Verwendung von Hybridisierungspuffer (10 % Dextransulfat Gew./Vol., 1 M NaCl, 1 % SDS, 100 mg Heringssperma-DNA) vorhybridisiert. Die Markierung der DNA-Sonde mit dem Highprime DNA labeling-Kit (Roche, Mannheim, Deutschland) erfolgte während der Vorhybridisierung unter Verwendung von alpha-<sup>32</sup>P-dCTP (Amersham, Braunschweig, Deutschland). Die Hybridisierung wurde nach Zugabe der markierten DNA-Sonde im gleichen Puffer bei 68°C über Nacht durchgeführt. Die Waschschrte wurden zweimal für 15 min unter Verwendung von 2 X SSC und zweimal für 30 min unter Verwendung von 1 X SSC, 1 % SDS, bei 68°C durch-

geführt. Die Exposition der verschlossenen Filter wurde bei  $-70^{\circ}\text{C}$  für einen Zeitraum von 1 bis 14 T durchgeführt.

Zur Untersuchung des Vorliegens oder der relativen Menge an von  
5 dieser mRNA translatiertem Protein können Standardtechniken, wie  
ein Western-Blot, eingesetzt werden (siehe beispielsweise Ausubel  
et al. (1988) Current Protocols in Molecular Biology, Wiley:  
New York). Bei diesem Verfahren werden die zellulären Gesamt-  
Proteine extrahiert, mittels Gelelektrophorese aufgetrennt,  
10 auf eine Matrix, wie Nitrozellulose, übertragen und mit einer  
Sonde, wie einem Antikörper, der spezifisch an das gewünschte  
Protein bindet, inkubiert. Diese Sonde ist gewöhnlich mit einer  
chemilumineszenten oder kolorimetrischen Markierung versehen,  
die sich leicht nachweisen lässt. Das Vorliegen und die Menge  
15 der beobachteten Markierung zeigt das Vorliegen und die Menge  
des gewünschten, in der Zelle vorliegenden mutierten Proteins an.

Beispiel 7: Analyse der Auswirkung der rekombinanten Proteine  
auf die Produktion des gewünschten Produktes

20

Die Auswirkung der genetischen Modifikation in Pflanzen, Pilzen,  
Algen, Ciliaten oder auf die Produktion einer gewünschten Ver-  
bindung (wie einer Fettsäure) kann bestimmt werden, indem die  
modifizierten Mikroorganismen oder die modifizierte Pflanze  
25 unter geeigneten Bedingungen (wie den vorstehend beschriebenen)  
gezüchtet werden und das Medium und/oder die zellulären Kompo-  
nenten auf die erhöhte Produktion des gewünschten Produktes (d.h.  
von Lipiden oder einer Fettsäure) untersucht wird. Diese Analyse-  
techniken sind dem Fachmann bekannt und umfassen Spektroskopie,  
30 Dünnschichtchromatographie, Färbeverfahren verschiedener Art,  
enzymatische und mikrobiologische Verfahren sowie analytische  
Chromatographie, wie Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie  
(siehe beispielsweise Ullman, Encyclopedia of Industrial  
Chemistry, Bd. A2, S. 89-90 und S. 443-613, VCH: Weinheim (1985);  
35 Fallon, A., et al., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry"  
in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology,  
Bd. 17; Rehm et al. (1993) Biotechnology, Bd. 3, Kapitel III:  
"Product recovery and purification", S. 469-714, VCH: Weinheim;  
Belter, P.A., et al. (1988) Bioseparations: downstream processing  
40 for Biotechnology, John Wiley and Sons; Kennedy, J.F., und  
Cabral, J.M.S. (1992) Recovery processes for biological Materi-  
als, John Wiley and Sons; Shaeiwitz, J.A., und Henry, J.D. (1988)  
Biochemical Separations, in: Ullmann's Encyclopedia of Industrial  
Chemistry, Bd. B3; Kapitel 11, S. 1-27, VCH: Weinheim; und  
45 Dechow, F.J. (1989) Separation and purification techniques in  
biotechnology, Noyes Publications).



Neben den oben erwähnten Verfahren werden Pflanzenlipide aus Pflanzenmaterial wie von Cahoon et al. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96 (22):12935-12940, und Browse et al. (1986) Analytic Biochemistry 152:141-145, beschrieben extrahiert. Die qualitative und quantitative Lipid- oder Fettsäureanalyse ist beschrieben bei Christie, William W., Advances in Lipid Methodology, Ayr/Scotland: Oily Press (Oily Press Lipid Library; 2); Christie, William W., Gas Chromatography and Lipids. A Practical Guide - Ayr, Scotland: Oily Press, 1989, Repr. 1992, IX, 307 S. (Oily Press Lipid Library; 1); "Progress in Lipid Research, Oxford: Pergamon Press, 1 (1952) - 16 (1977) u.d.T.: Progress in the Chemistry of Fats and Other Lipids CODEN.

Zusätzlich zur Messung des Endproduktes der Fermentation ist es auch möglich, andere Komponenten der Stoffwechselwege zu analysieren, die zur Produktion der gewünschten Verbindung verwendet werden, wie Zwischen- und Nebenprodukte, um die Gesamteffizienz der Produktion der Verbindung zu bestimmen. Die Analyseverfahren umfassen Messungen der Nährstoffmengen im Medium (z.B. Zucker, Kohlenwasserstoffe, Stickstoffquellen, Phosphat und andere Ionen), Messungen der Biomassezusammensetzung und des Wachstums, Analyse der Produktion üblicher Metabolite von Biosynthesewegen und Messungen von Gasen, die während der Fermentation erzeugt werden. Standardverfahren für diese Messungen sind in Applied Microbial Physiology; A Practical Approach, P.M. Rhodes und P.F. Stanbury, Hrsgb., IRL Press, S. 103-129; 131-163 und 165-192 (ISBN: 0199635773) und darin angegebenen Literaturstellen beschrieben.

Ein Beispiel ist die Analyse von Fettsäuren (Abkürzungen: FAME, Fettsäuremethylester; GC-MS, Gas-Flüssigkeitschromatographie-Massenspektrometrie; TAG, Triacylglycerin; TLC, Dünnschichtchromatographie).

Der unzweideutige Nachweis für das Vorliegen von Fettsäureprodukten kann mittels Analyse rekombinanter Organismen nach Standard-Analyseverfahren erhalten werden: GC, GC-MS oder TLC, wie verschiedentlich beschrieben von Christie und den Literaturstellen darin (1997, in: Advances on Lipid Methodology, Vierte Aufl.: Christie, Oily Press, Dundee, 119-169; 1998, Gaschromatographie-Massenspektrometrie-Verfahren, Lipide 33:343-353).

Das zu analysierende Material kann durch Ultraschallbehandlung, Mahlen in der Glasmühle, flüssigen Stickstoff und Mahlen oder über andere anwendbare Verfahren aufgebrochen werden. Das Material muss nach dem Aufbrechen zentrifugiert werden. Das Sediment wird in Aqua dest. resuspendiert, 10 min bei 100°C

## 52

- erhitzt, auf Eis abgekühlt und erneut zentrifugiert, gefolgt von Extraktion in 0,5 M Schwefelsäure in Methanol mit 2 % Dimethoxypropan für 1 Std. bei 90°C, was zu hydrolysierten Öl- und Lipidverbindungen führt, die transmethylierte Lipide ergeben.
- 5 Diese Fettsäuremethylester werden in Petrolether extrahiert und schließlich einer GC-Analyse unter Verwendung einer Kapillarsäule (Chrompack, WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 Mikrom, 0,32 mm) bei einem Temperaturgradienten zwischen 170°C und 240°C für 20 min und 5 min bei 240°C unterworfen. Die Identität der erhaltenen
- 10 Fettsäuremethylester muss unter Verwendung von Standards, die aus kommerziellen Quellen erhältlich sind (d.h. Sigma), definiert werden.

- Bei Fettsäuren, für die keine Standards verfügbar sind, muss die
- 15 Identität über Derivatisierung und anschließende GC-MS-Analyse gezeigt werden. Beispielsweise muss die Lokalisierung von Fettsäuren mit Dreifachbindung über GC-MS nach Derivatisierung mit 4,4-Dimethoxyoxazolin-Derivaten (Christie, 1998, siehe oben) gezeigt werden.

20

Expressionskonstrukte in heterologen mikrobiellen Systemen

Stämme, Wachstumsbedingungen und Plasmide

- 25 Der *Escherichia coli*-Stamm XL1 Blue MRF' kan (Stratagene) wurde zur Subklonierung der neuen Desaturase pPDesaturase1 aus *Physcomitrella patens* verwendet. Für die funktionelle Expression dieses Gens verwendeten wir den *Saccharomyces cerevisiae*-Stamm INVSc 1 (Invitrogen Co.). *E. coli* wurde in Luria-Bertini-Brühe (LB,
- 30 Duchefa, Haarlem, Niederlande) bei 37°C kultiviert. Wenn nötig, wurde Ampicillin (100 mg/Liter) zugegeben, und 1,5 % Agar (Gew./Vol.) wurde für feste LB-Medien hinzugefügt. *S. cerevisiae* wurde bei 30°C entweder in YPG-Medium oder in komplettem Minimalmedium ohne Uracil (CMdum; siehe in: Ausubel, F.M., Brent, R., Kingston,
- 35 R.E., Moore, D.D., Seidman, J.G., Smith, J.A., Struhl, K., Albright, L.B., Coen, D.M., und Varki, A. (1995) Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York) mit entweder 2 % (Gew./Vol.) Raffinose oder Glucose kultiviert. Für feste Medien wurden 2 % (Gew./Vol.) Bacto™-Agar (Difco)
- 40 hinzugefügt. Die zur Klonierung und Expression verwendeten Plasmide sind pUC18 (Pharmacia) und pYES2 (Invitrogen Co.).

Beispiel 8: Klonierung und Expression PUFA-spezifischer  
Desaturasen und Elongaen

Für die Expression in Pflanzen wurden cDNA Klone aus  
5 SeQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27,  
29, 31. so modifiziert, dass lediglich die Codierregion mittels  
Polymerase Kettenreaktion unter Zuhilfenahme zweier Oligo-  
nukleotide amplifiziert werden. Dabei wurde darauf geachtet,  
dass eine Konsensussequenz vor dem Startcodon zur effizienten  
10 Translation eingehalten wurde. Entweder wurde hierzu die Basen-  
folge ATA oder AAA gewählt und vor das ATG in die Sequenz einge-  
fügt (Kozak, M. (1986) Point mutations define a sequence flanking  
the AUG initiator codon that modulates translation by eukaryotic  
ribosomes, Cell 44, 283-292). Vor diesem Konsensustriplett  
15 wurde zusätzlich eine Restriktionsschnittstelle eingeführt,  
die kompatibel sein muss zur Schnittstelle des Zielvektors,  
in den das Fragment kloniert werden soll und mit dessen Hilfe  
die Genexpression in Mikroorganismen oder Pflanzen erfolgen  
soll.

20 Die PCR-Reaktion wurde mit Plasmid-DNA als Matrize in einem  
Thermocycler (Biometra) mit der Pfu-DNA-(Stratagene) Polymerase  
und dem folgenden Temperaturprogramm durchgeführt: 3 min bei 96°C,  
gefolgt von 30 Zyklen mit 30 s bei 96°C, 30 s bei 55°C und 2 min  
25 bei 72°C, 1 Zyklus mit 10 min bei 72°C und Stop bei 4°C. Die  
Anlagerungstemperatur wurde je nach gewählten Oligonukleotiden  
variiert. Pro Kilobasenpaare DNA ist von einer Syntheszeit von  
etwa einer Minute auszugehen. Weitere Parameter, die Einfluss  
auf die PCR haben wie z.B. Mg-Ionen, Salz, DNA Polymerase etc.,  
30 sind dem Fachmann auf dem Gebiet geläufig und können nach Bedarf  
variiert werden.

Die korrekte Größe des amplifizierten DNA-Fragments wurde mittels  
Agarose-TBE-Gelelektrophorese bestätigt. Die amplifizierte DNA  
35 wurde aus dem Gel mit dem QIAquick-Gelextraktionskit (QIAGEN)  
extrahiert und in die SmaI-Restriktionsstelle des dephosphory-  
lierten Vektors pUC18 unter Verwendung des Sure Clone Ligations  
Kit (Pharmacia) ligiert, wobei die pUC-Derivate erhalten wurden.  
Nach der Transformation von E. coli XL1 Blue MRF' kan wurde  
40 eine DNA-Minipräparation (Riggs, M.G., & McLachlan, A. (1986) A  
simplified screening procedure for large numbers of plasmid mini-  
preparation. BioTechniques 4, 310-313) an ampicillinresistenten  
Transformanten durchgeführt, und positive Klone mittels BamHI-  
Restriktionsanalyse identifiziert. Die Sequenz des klonierten  
45 PCR-Produktes wurde mittels Resequenzierung unter Verwendung des

ABI PRISM Big Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Perkin-Elmer, Weiterstadt) bestätigt.

#### Fettsäureanalyse

5

Die Gesamt-Fettsäuren wurden aus Pflanzensamen extrahiert und mittels Gaschromatographie analysiert.

Die Samen wurden mit 1 % Natriummethanolat in Methanol aufgenommen und 20 min bei RT inkubiert. Anschließend wird mit NaCl

10 Lösung gewaschen und die FAME in 0,3 ml Heptan aufgenommen.

Die Proben wurden auf einer ZEBRON-ZB-Wax-Kapillarsäule (30 m, 0,32 mm, 0,25 mikro m; Phenomenex) in einem Hewlett Packard-6850-Gaschromatograph mit einem Flammenionisationsdetektor aufgetrennt. Die Ofentemperatur wurde von 70°C (1 min halten) bis

15 200°C mit einer Rate von 20°C/min, dann auf 250°C (5 min halten) mit einer Rate von 5°C/min und schließlich auf 260°C mit einer Rate von 5°C/min programmiert. Stickstoff wurde als Trägergas verwendet (4,5 ml/min bei 70°C). Die Fettsäuren wurden durch Vergleich mit Retentionszeiten von FAME-Standards (SIGMA)

20 identifiziert.

#### Expressionsanalyse

Ergebnis der Expression einer *Phaeodactylum tricornutum*  $\Delta$ -6-Acyl

25 Lipid Desaturase, einer *Phaeodactylum tricornutum*  $\Delta$ -5-Acyl Lipid Desaturase und der delta-6 spezifischen Elongase in Tabaksamen:

Figur 2: Fettsäureprofil von transgenen Tabaksamen. Die Pflanzen wurden mit einer 3-fach Expressionskassette transformiert, die

30 unter der Kontrolle des USP Promotors die delta-6-, die delta-5- und die *Physcomitrella patens* PpPSE1 exprimiert (pARA2). Es wurden 100 transgene Tabak und Leinpflanzen hergestellt, von denen ca. 20 % Arachidonsäure im Samen synthetisierten.

35 Figur 3: Tabak Wildtypkontrolle.

Beispiel 9: Reinigung des gewünschten Produktes aus transformierten Organismen

40 Die Gewinnung des gewünschten Produktes aus Pflanzenmaterial oder Pilzen, Algen, Ciliaten, tierischen Zellen oder aus dem Überstand der vorstehend beschriebenen Kulturen kann durch verschiedene, im Fachgebiet bekannte Verfahren erfolgen. Wird das gewünschte Produkt nicht aus den Zellen sezerniert, können die Zellen aus

45 der Kultur durch langsame Zentrifugation geerntet werden, die Zellen können durch Standardtechniken, wie mechanische Kraft oder Ultraschallbehandlung, lysiert werden. Organe von Pflanzen können

- mechanisch von anderem Gewebe oder anderen Organen getrennt werden. Nach der Homogenisation werden die Zelltrümmer durch Zentrifugation entfernt, und die Überstandsfraction, welche die löslichen Proteine enthält, wird zur weiteren Reinigung
- 5 der gewünschten Verbindung aufbewahrt. Wird das Produkt aus gewünschten Zellen sezerniert, werden die Zellen durch langsame Zentrifugation aus der Kultur entfernt, und die Überstandsfraction wird zur weiteren Reinigung aufbewahrt.
- 10 Die Überstandsfraction aus jedem Reinigungsverfahren wird einer Chromatographie mit einem geeigneten Harz unterworfen, wobei das gewünschte Molekül entweder auf dem Chromatographieharz zurückgehalten wird, viele Verunreinigungen in der Probe jedoch nicht, oder die Verunreinigungen auf dem Harz zurückbleiben, die Probe
- 15 hingegen nicht. Diese Chromatographieschritte können wenn nötig wiederholt werden, wobei die gleichen oder andere Chromatographieharze verwendet werden. Der Fachmann ist in der Auswahl geeigneter Chromatographieharze und ihrer wirksamsten Anwendung für ein bestimmtes zu reinigendes Molekül bewandert. Das
- 20 gereinigte Produkt kann durch Filtration oder Ultrafiltration konzentriert und bei einer Temperatur aufbewahrt werden, bei der die Stabilität des Produktes maximal ist.
- Im Fachgebiet ist ein breites Spektrum an Reinigungsverfahren bekannt, und das vorstehende Reinigungsverfahren soll nicht
- 25 beschränkend sein. Diese Reinigungsverfahren sind zum Beispiel beschrieben in Bailey, J.E., & Ollis, D.F., Biochemical Engineering Fundamentals, McGraw-Hill: New York (1986).

- Die Identität und Reinheit der isolierten Verbindungen kann
- 30 durch Standardtechniken des Fachgebiets bestimmt werden. Dazu gehören Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (HPLC), spektroskopische Verfahren, Färbeverfahren, Dünnschichtchromatographie, insbesondere Dünnschichtchromatographie und Flammenionisationsdetektion (IATROSCAN, Iatron, Tokio, Japan), NIRS, Enzymtest oder
- 35 mikrobiologisch. Eine Übersicht über diese Analyseverfahren siehe in: Patek et al. (1994) Appl. Environ. Microbiol. 60:133-140; Malakhova et al. (1996) Biotekhnologiya 11:27-32; und Schmidt et al. (1998) Bioprocess Engineer. 19:67-70. Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry (1996) Bd. A27, VCH: Weinheim, S. 89-90,
- 40 S. 521-540, S. 540-547, S. 559-566, 575-581 und S. 581-587; Michal, G (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley and Sons; Fallon, A., et al. (1987) Applications of HPLC in Biochemistry in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Bd. 17.

### Äquivalente

Der Fachmann erkennt oder kann viele Äquivalente der hier beschriebenen erfindungsgemäßen spezifischen Ausführungsformen feststellen, indem er lediglich Routineexperimente verwendet. Diese Äquivalente sollen von den Patentansprüchen umfasst sein.

10

15

20

25

30

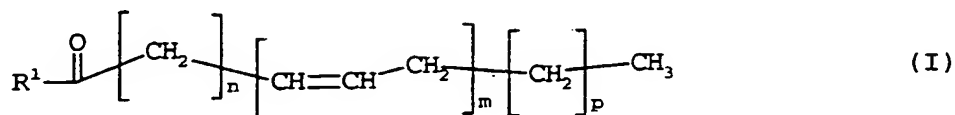
35

40

45

## Patentansprüche

1. Verfahren zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen  
 5 Formel I:



10

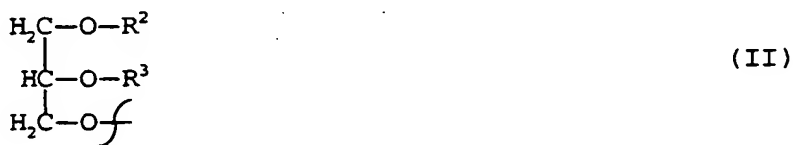
in transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens  
 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren dadurch gekenn-  
 15 zeichnet, dass das Verfahren folgende Schritte umfasst:

- a) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in  
 eine Pflanze, die für ein Polypeptid mit einer  
 $\Delta$ -6-Desaturaseaktivität codiert; sowie  
 20 b) Einbringen mindestens einer zweiten Nukleinsäuresequenz,  
 die für ein Polypeptid mit einer  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität  
 codiert; und  
 25 c) gegebenenfalls Einbringen einer dritten Nukleinsäure-  
 sequenz, die für ein Polypeptid mit einer  $\Delta$ -5-Desaturase-  
 aktivität codiert; und  
 d) anschließend kultivieren und ernten der Pflanzen; und  
 30

wobei die Variablen und Substituenten in der Formeln I  
 folgende Bedeutung haben:

35  $R^1 = -OH$ , Coenzym A-(Thioester), Phosphatidylcholin-, Phos-  
 phatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphati-  
 dylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-,  
 Sphingolipid-, Glycosphingolipid- oder einen Rest der  
 folgenden allgemeinen Formel II

40

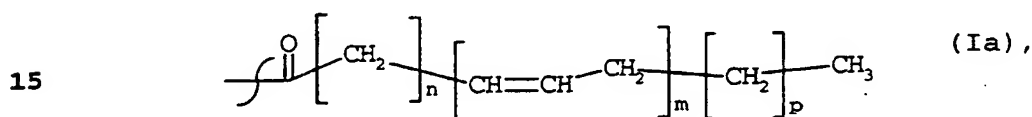


45

$R^2 = \text{H, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-,}$   
 $\text{Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phos-}$   
 $\text{phatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Shingolipid-,}$   
 $\text{Glycoshingolipid-, Glycoshingolipid- oder gesättigtes}$   
 5  $\text{oder ungesättigtes C}_2\text{-C}_{24}\text{-Alkylcarbonyl-,}$

$R^3 = \text{H, gesättigtes oder ungesättigtes C}_2\text{-C}_{24}\text{-Alkylcarbonyl-,}$   
 oder

10  $R^2$  und  $R^3$  unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen  
 Formel Ia



$n = 3, 4 \text{ oder } 6, m = 3, 4 \text{ oder } 5 \text{ und } p = 0 \text{ oder } 3.$

- 20 2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass die  
 Substituenten  $R^2$  und  $R^3$  unabhängig voneinander  $\text{C}_{10}\text{-C}_{22}\text{-Alkyl-}$   
 $\text{carbonyl-}$  bedeuten.
- 25 3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet,  
 dass die Substituenten  $R^2$  und  $R^3$  unabhängig voneinander  $\text{C}_{16}\text{-}$ ,  
 $\text{C}_{18}\text{-}$ ,  $\text{C}_{20}\text{-}$  oder  $\text{C}_{22}\text{-Alkylcarbonyl-}$  bedeuten.
- 30 4. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 3, dadurch gekennzeich-  
 net, dass die Substituenten  $R^2$  und  $R^3$  unabhängig voneinander  
 ungesättigtes  $\text{C}_{16}\text{-}$ ,  $\text{C}_{18}\text{-}$ ,  $\text{C}_{20}\text{-}$  oder  $\text{C}_{22}\text{-Alkylcarbonyl-}$  mit ein,  
 Zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen bedeuten.
- 35 5. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeich-  
 net, dass die transgene Pflanze eine Ölfruchtpflanze ist.
6. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 5, dadurch gekennzeich-  
 net, dass die transgene Pflanze ausgewählt aus der Gruppe  
 Soja, Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Nachtkerze, Königskerze,  
 40 Distel, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Avocado, Lorbeer,  
 Wildrosen, Kürbis, Pistazien, Sesam, Sonnenblume, Färber-  
 distel, Borretsch, Mais, Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive,  
 Calendula, Punica, Ölpalme, Walnuss oder Kokosnuß ist.

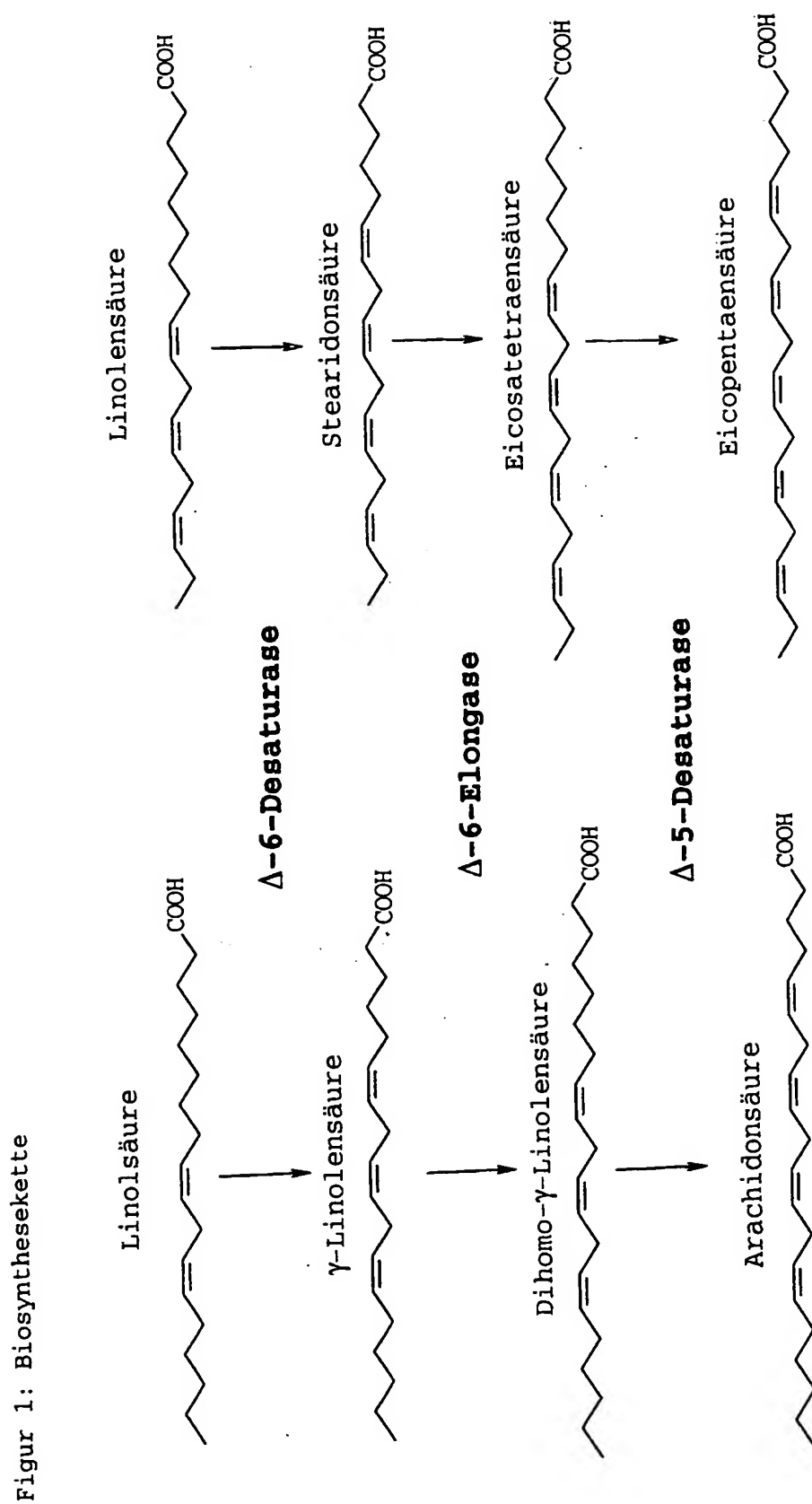


7. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 6, dadurch gekennzeichnet, dass die Verbindungen der Formel I durch Pressen oder Extraktion aus den transgenen Pflanzen in Form ihrer Öle, Fette, Lipide oder freien Fettsäuren gewonnen werden.
- 5
8. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, dass die gemäß Anspruch 7 gewonnenen Öle, Fette, Lipide oder freien Fettsäuren raffiniert werden.
- 10 9. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, dass man die in den Verbindungen der Formel I enthaltenden gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren freisetzt.
- 15 10. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 9, dadurch gekennzeichnet, dass die gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren über eine alkalische Hydrolyse oder eine enzymatische Abspaltung freigesetzt werden.
- 20 11. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, dass die Verbindungen der allgemeinen Formel I in den transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens 5 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren enthalten sind.
- 25 12. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, dass, die für die Polypeptide mit einer  $\Delta$ -6-Desaturaseaktivität,  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität oder  $\Delta$ -5-Desaturaseaktivität codierenden Nukleinsäuresequenzen, ausgewählt aus der Gruppe sind:
- 30
- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Sequenz,
- 35
- b) Nukleinsäuresequenzen, die aufgrund des degenerierten genetischen Codes durch Rückübersetzung der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32
- 40
- dargestellten Aminosäuresequenzen erhalten werden,
- 45

## 60

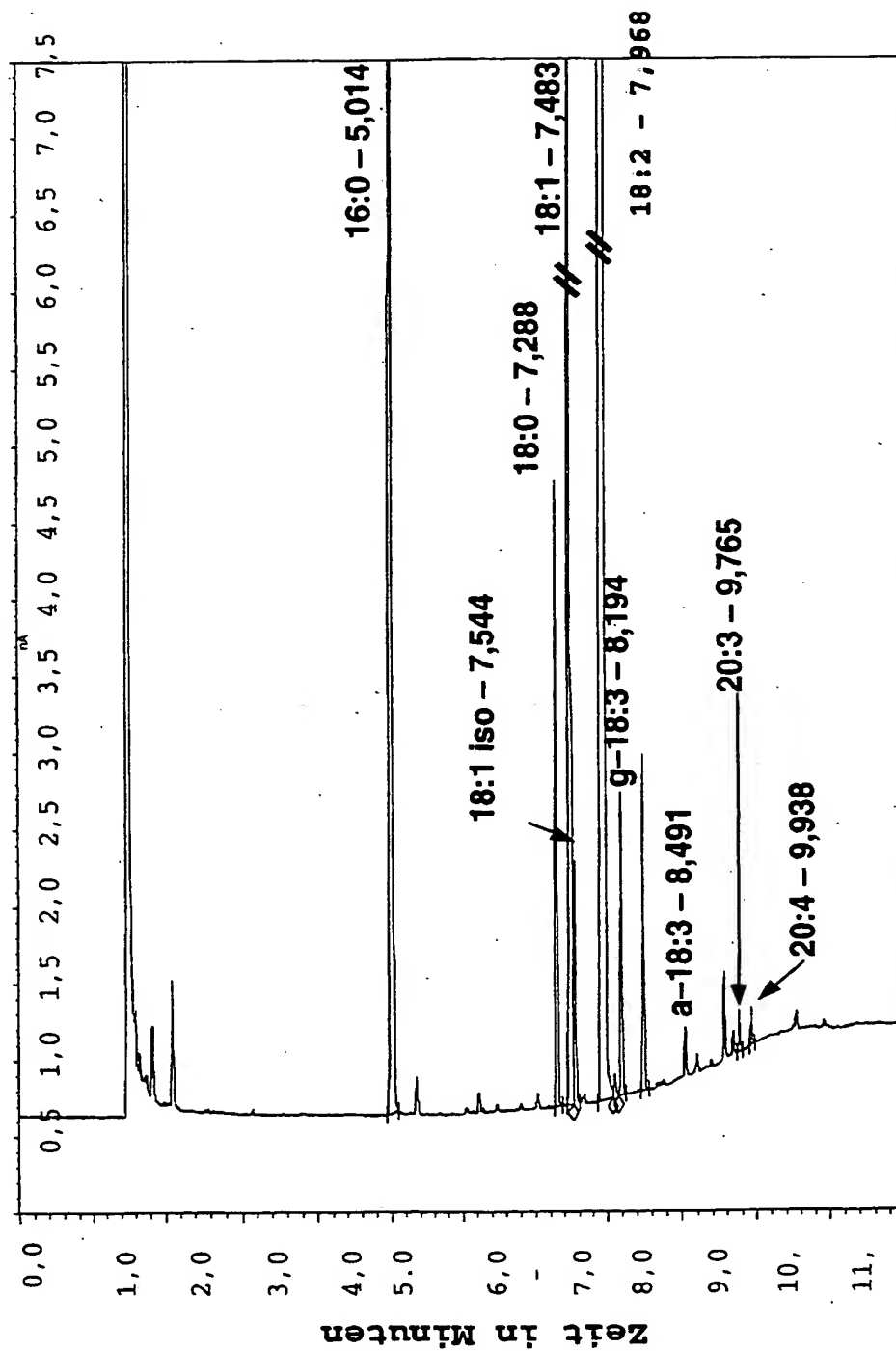
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäuresequenzen codieren und mindestens 50 % Homologie auf Aminosäureebene aufweisen, ohne daß die enzymatische Wirkung der Polypeptide wesentlich reduziert ist.
13. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 12, dadurch gekennzeichnet, dass die Nukleinsäuresequenzen gemäß Anspruch 8 in einem Nukleinsäurekonstrukt mit einem oder mehreren Regulationssignalen verknüpft sind.
14. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 13, dadurch gekennzeichnet, dass das Nukleinsäurekonstrukt zusätzliche Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthält ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenasen, Lipoxxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n).

1/3

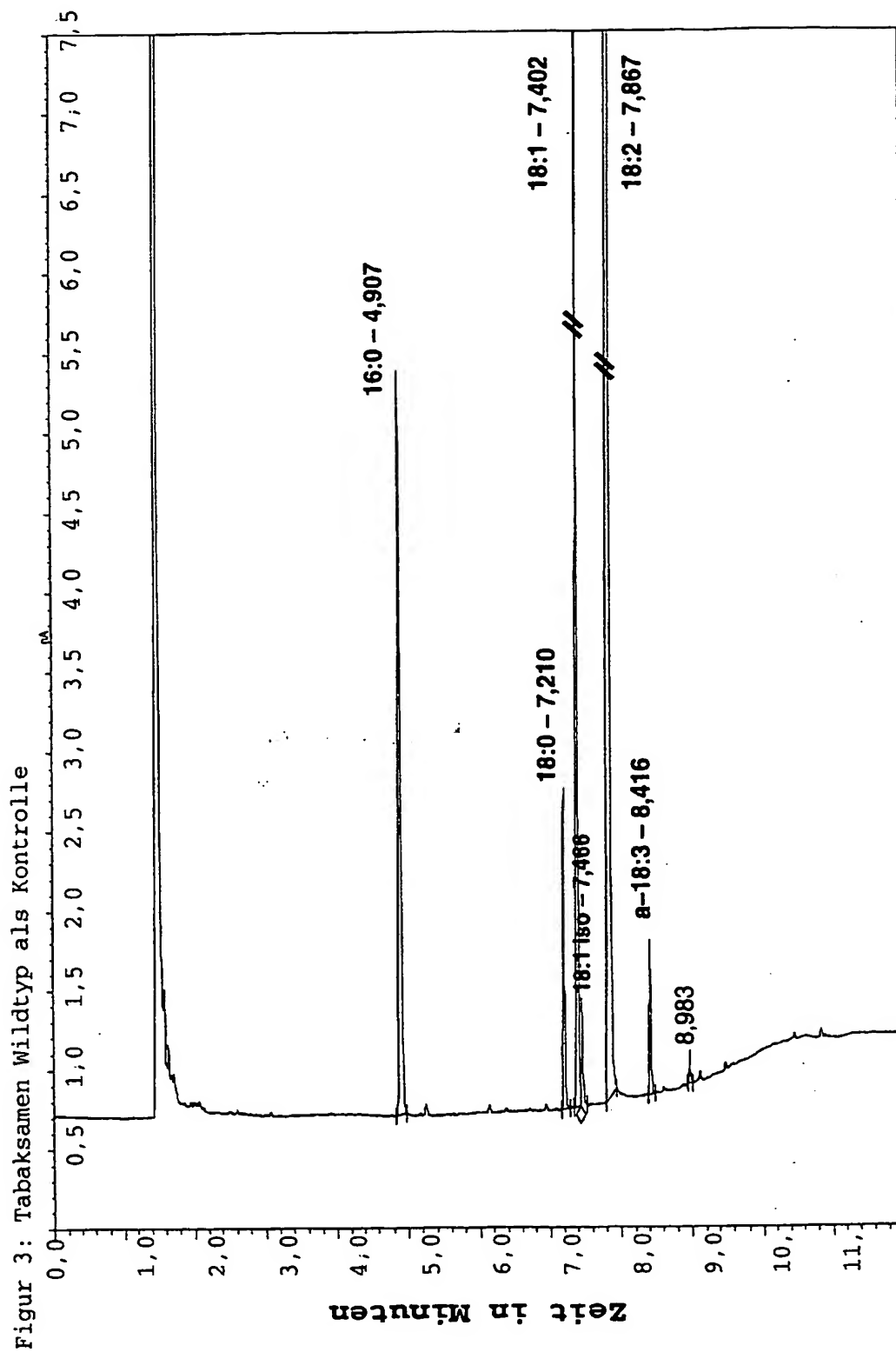


**THIS PAGE BLANK (USPTO)**

Figur 2: Fettsäureprofil von transgenen Tabaksamen



**THIS PAGE BLANK (US: 1)**



**THIS PAGE BLANK (US-15)**



## SEQUENZPROTOKOLL

<110> BASF Plant Science GmbH

<120> Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter  
Fettsäuren in Pflanzen

<130> 2002/271

<140> 2002\_271

<141> 2002-04-26

<160> 64

<170> PatentIn Vers. 2.0

<210> 1

<211> 1687

<212> DNA

<213> Borago officinalis

<220>

<221> CDS

<222> (42)..(1388)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 1

tatctgccta ccctcccaaa gagagtagtc atttttcatc a atg gct gct caa atc 56

Met Ala Ala Gln Ile

1

5

aag aaa tac att acc tca gat gaa ctc aag aac cac gat aaa ccc gga 104

Lys Lys Tyr Ile Thr Ser Asp Glu Leu Lys Asn His Asp Lys Pro Gly

10

15

20

gat cta tgg atc tcg att caa ggg aaa gcc tat gat gtt tcg gat tgg 152

Asp Leu Trp Ile Ser Ile Gln Gly Lys Ala Tyr Asp Val Ser Asp Trp

25

30

35

gtg aaa gac cat cca ggt ggc agc ttt ccc ttg aag agt ctt gct ggt 200

Val	Lys	Asp	His	Pro	Gly	Gly	Ser	Phe	Pro	Leu	Lys	Ser	Leu	Ala	Gly		
		40					45					50					
caa	gag	gta	act	gat	gca	ttt	gtt	gca	ttc	cat	cct	gcc	tct	aca	tgg	248	
Gln	Glu	Val	Thr	Asp	Ala	Phe	Val	Ala	Phe	His	Pro	Ala	Ser	Thr	Trp		
		55					60					65					
aag	aat	ctt	gat	aag	ttt	ttc	act	ggg	tat	tat	ctt	aaa	gat	tac	tct	296	
Lys	Asn	Leu	Asp	Lys	Phe	Phe	Thr	Gly	Tyr	Tyr	Leu	Lys	Asp	Tyr	Ser		
	70					75				80					85		
gtt	tct	gag	gtt	tct	aaa	gat	tat	agg	aag	ctt	gtg	ttt	gag	ttt	tct	344	
Val	Ser	Glu	Val	Ser	Lys	Asp	Tyr	Arg	Lys	Leu	Val	Phe	Glu	Phe	Ser		
				90					95					100			
aaa	atg	ggg	ttg	tat	gac	aaa	aaa	ggg	cat	att	atg	ttt	gca	act	ttg	392	
Lys	Met	Gly	Leu	Tyr	Asp	Lys	Lys	Gly	His	Ile	Met	Phe	Ala	Thr	Leu		
			105					110					115				
tgc	ttt	ata	gca	atg	ctg	ttt	gct	atg	agt	gtt	tat	ggg	gtt	ttg	ttt	440	
Cys	Phe	Ile	Ala	Met	Leu	Phe	Ala	Met	Ser	Val	Tyr	Gly	Val	Leu	Phe		
		120					125						130				
tgt	gag	ggg	gtt	ttg	gta	cat	ttg	ttt	tct	ggg	tgt	ttg	atg	ggg	ttt	488	
Cys	Glu	Gly	Val	Leu	Val	His	Leu	Phe	Ser	Gly	Cys	Leu	Met	Gly	Phe		
	135					140					145						
ctt	tgg	att	cag	agt	ggg	tgg	att	gga	cat	gat	gct	ggg	cat	tat	atg	536	
Leu	Trp	Ile	Gln	Ser	Gly	Trp	Ile	Gly	His	Asp	Ala	Gly	His	Tyr	Met		
	150				155				160				165				
gta	gtg	tct	gat	tca	agg	ctt	aat	aag	ttt	atg	ggg	att	ttt	gct	gca	584	
Val	Val	Ser	Asp	Ser	Arg	Leu	Asn	Lys	Phe	Met	Gly	Ile	Phe	Ala	Ala		
				170					175					180			
aat	tgt	ctt	tca	gga	ata	agt	att	ggg	tgg	tgg	aaa	tgg	aac	cat	aat	632	
Asn	Cys	Leu	Ser	Gly	Ile	Ser	Ile	Gly	Trp	Trp	Lys	Trp	Asn	His	Asn		
			185					190					195				
gca	cat	cac	att	gcc	tgt	aat	agc	ctt	gaa	tat	gac	cct	gat	tta	caa	680	

Ala His His Ile Ala Cys Asn Ser Leu Glu Tyr Asp Pro Asp Leu Gln	
200	210
tat ata cca ttc ctt gtt gtg tct tcc aag ttt ttt ggt tca ctc acc	728
Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe Phe Gly Ser Leu Thr	
215	225
tct cat ttc tat gag aaa agg ttg act ttt gac tct tta tca aga ttc	776
Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp Ser Leu Ser Arg Phe	
230	245
ttt gta agt tat caa cat tgg aca ttt tac cct att atg tgt gct gct	824
Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro Ile Met Cys Ala Ala	
250	260
agg ctc aat atg tat gta caa tct ctc ata atg ttg ttg acc aag aga	872
Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met Leu Leu Thr Lys Arg	
265	275
aat gtg tcc tat cga gct cat gaa ctc ttg gga tgc cta gtg ttc tcg	920
Asn Val Ser Tyr Arg Ala His Glu Leu Leu Gly Cys Leu Val Phe Ser	
280	290
att tgg tac ccg ttg ctt gtt tct tgt ttg cct aat tgg ggt gaa aga	968
Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro Asn Trp Gly Glu Arg	
295	305
att atg ttt gtt att gca agt ttg tca gtg act gga atg caa caa gtt	1016
Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr Gly Met Gln Gln Val	
310	325
cag ttc tcc ttg aac cac ttc tct tca agt gtt tat gtt gga aag cct	1064
Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Ser Val Tyr Val Gly Lys Pro	
330	340
aaa ggg aat aat tgg ttt gag aaa caa acg gat ggg aca ctt gac att	1112
Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp Gly Thr Leu Asp Ile	
345	355
tct tgt cct cct tgg atg gat tgg ttt cat ggt gga ttg caa ttc caa	1160

Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln  
 360 365 370  
  
 att gag cat cat ttg ttt ccc aag atg cct aga tgc aac ctt agg aaa 1208  
 Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg Cys Asn Leu Arg Lys  
 375 380 385  
  
 atc tcg ccc tac gtg atc gag tta tgc aag aaa cat aat ttg cct tac 1256  
 Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr  
 390 395 400 405  
  
 aat tat gca tct ttc tcc aag gcc aat gaa atg aca ctc aga aca ttg 1304  
 Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met Thr Leu Arg Thr Leu  
 410 415 420  
  
 agg aac aca gca ttg cag gct agg gat ata acc aag ccg ctc ccg aag 1352  
 Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr Lys Pro Leu Pro Lys  
 425 430 435  
  
 aat ttg gta tgg gaa gct ctt cac act cat ggt taa aattaccctt 1398  
 Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly  
 440 445  
  
 agttcatgta ataatttgag attatgtatc tcctatgttt gtgtcttgtc ttggttctac 1458  
  
 ttgttggagt cattgcaact tgtcttttat ggtttattag atgtttttta atatatttta 1518  
  
 gaggttttgc tttcatctcc attattgatg aataaggagt tgcattattgt caattgttgt 1578  
  
 gctcaatatc tgatattttg gaatgtactt tgtaccactg tgttttcagt tgaagctcat 1638  
  
 gtgtacttct atagactttg tttaaattgt tatgaaaaaa aaaaaaaaaa 1687

&lt;210&gt; 2

&lt;211&gt; 448

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Borago officinalis

&lt;400&gt; 2

Met Ala Ala Gln Ile Lys Lys Tyr Ile Thr Ser Asp Glu Leu Lys Asn  
 1 5 10 15

His Asp Lys Pro Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile Gln Gly Lys Ala Tyr  
 20 25 30

Asp Val Ser Asp Trp Val Lys Asp His Pro Gly Gly Ser Phe Pro Leu  
 35 40 45

Lys Ser Leu Ala Gly Gln Glu Val Thr Asp Ala Phe Val Ala Phe His  
 50 55 60

Pro Ala Ser Thr Trp Lys Asn Leu Asp Lys Phe Phe Thr Gly Tyr Tyr  
 65 70 75 80

Leu Lys Asp Tyr Ser Val Ser Glu Val Ser Lys Asp Tyr Arg Lys Leu  
 85 90 95

Val Phe Glu Phe Ser Lys Met Gly Leu Tyr Asp Lys Lys Gly His Ile  
 100 105 110

Met Phe Ala Thr Leu Cys Phe Ile Ala Met Leu Phe Ala Met Ser Val  
 115 120 125

Tyr Gly Val Leu Phe Cys Glu Gly Val Leu Val His Leu Phe Ser Gly  
 130 135 140

Cys Leu Met Gly Phe Leu Trp Ile Gln Ser Gly Trp Ile Gly His Asp  
 145 150 155 160

Ala Gly His Tyr Met Val Val Ser Asp Ser Arg Leu Asn Lys Phe Met  
 165 170 175

Gly Ile Phe Ala Ala Asn Cys Leu Ser Gly Ile Ser Ile Gly Trp Trp  
 180 185 190

Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys Asn Ser Leu Glu Tyr  
 195 200 205

Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe

[illegible]

Lys Pro Leu Pro Lys Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly  
 435 440 445

<210> 3

<211> 1192

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

<221> CDS

<222> (58) .. (930)

<223> Delta-6-Elongase

<400> 3

```

ctgcttcgctc tcactcttggg ggtgtgattc gggagtgggt tgagttggtg gagcgca      57

atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag ttg gat ggg aag gtc tcg      105
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
  1             5             10             15

cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt ggg gtg gag ttg acg gat      153
Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
      20             25             30

acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt gac agt ccc aca ccc atc      201
Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
      35             40             45

gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att gtc att gga ggg ctt ttg      249
Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
      50             55             60

tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc gcc tcg gag cca ttt ttg      297
Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
      65             70             75             80

ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg ttc tgt ttt gcg ctc agt      345
Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser

```

85	90	95	
ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag gct att acc tgg cgg tac			393
Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr			
100	105	110	
tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa cat aaa gag atg gcg att			441
Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile			
115	120	125	
ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac gtg gaa ttc atg gat acc			489
Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr			
130	135	140	
gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg caa ata agc ttc ctc cac			537
Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His			
145	150	155	160
gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att tgg tgg gct att gct cat			585
Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His			
165	170	175	
cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct gcg gct ctg aac tca gga			633
His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly			
180	185	190	
gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc ttg gct gcc tgc ctt cga			681
Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg			
195	200	205	
agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt ttt tgg ggc agg tac ttg			729
Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu			
210	215	220	
aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg aac tta gtg cag gct tac			777
Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr			
225	230	235	240
tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca caa tgg ctg atc aag att			825
Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile			



245

250

255

ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt ctt ttc ggc aat ttt tac 873  
Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr  
260 265 270

gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga aag caa aag gga gct aaa 921  
Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys  
275 280 285

act gag tga gctgtatcaa gccatagaaa ctctattatg ttagaacctg 970  
Thr Glu  
290

aagttggtgc tttcttatct ccacttatct ttttaagcagc atcagttttg aaatgatgtg 1030

tgggcgtggt ctgcaagtag tcataaatat aatcggcctg agcacttcag atggattggt 1090

agaacatgag taaaagcgggt tattacgggtg tttattttgt accaaatcac cgcacggggtg 1150

aattgaaata tttcagattt gatcaatttc atctgaaaaa aa 1192

&lt;210&gt; 4

&lt;211&gt; 290

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Physcomitrella patens

&lt;400&gt; 4

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser  
1 5 10 15

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp  
20 25 30

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile  
35 40 45

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu  
50 55 60

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu  
65 70 75 80

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser  
85 90 95

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr  
100 105 110

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile  
115 120 125

Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr  
130 135 140

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His  
145 150 155 160

Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His  
165 170 175

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly  
180 185 190

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg  
195 200 205

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu  
210 215 220

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr  
225 230 235 240

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile  
245 250 255

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr  
260 265 270

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys  
 275 280 285

Thr Glu  
 290

<210> 5  
 <211> 1054  
 <212> DNA  
 <213> Thraustochytrium

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (43)..(858)  
 <223> Delta-6-Elongase

<400> 5  
 gaattcggca cgagagcgcg cggagcggag acctcggccg cg atg atg gag ccg 54  
 Met Met Glu Pro  
 1

ctc gac agg tac agg gcg ctg gcg gag ctc gcc gcg agg tac gcc agc 102  
 Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala Arg Tyr Ala Ser  
 5 10 15 20

tgc gcg gcc ttc aag tgg caa gtc acg tac gac gcc aag gac agc ttc 150  
 Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala Lys Asp Ser Phe  
 25 30 35

gtc ggg ccc ctg gga atc cgg gag ccg ctc ggg ctc ctg gtg ggc tcc 198  
 Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu Leu Val Gly Ser  
 40 45 50

gtg gtc ctc tac ctg agc ctg ctg gcc gtg gtc tac gcg ctg cgg aac 246  
 Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr Ala Leu Arg Asn  
 55 60 65

tac ctt ggc ggc ctc atg gcg ctc cgc agc gtg cat aac ctc ggg ctc 294  
 Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His Asn Leu Gly Leu

70	75	80	
tgc ctc ttc tcg ggc gcc gtg tgg atc tac acg agc tac ctc atg atc			342
Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser Tyr Leu Met Ile			
85	90	95	100
cag gat ggg cac ttt cgc agc ctc gag gcg gca acg tgc gag ccg ctc			390
Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr Cys Glu Pro Leu			
105	110	115	
aag cat ccg cac ttc cag ctc atc agc ttg ctc ttt gcg ctg tcc aag			438
Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe Ala Leu Ser Lys			
120	125	130	
atc tgg gag tgg ttc gac acg gtg ctc ctc atc gtc aag ggc aac aag			486
Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val Lys Gly Asn Lys			
135	140	145	
ctc cgc ttc ctg cac gtc ttg cac cac gcc acg acc ttt tgg ctc tac			534
Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr Phe Trp Leu Tyr			
150	155	160	
gcc atc gac cac atc ttt ctc tcg tcc atc aag tac ggc gtc gcg gtc			582
Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr Gly Val Ala Val			
165	170	175	180
aat gct ttc atc cac acc gtc atg tac gcg cac tac ttc cgc cca ttc			630
Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr Phe Arg Pro Phe			
185	190	195	
ccg aag ggc ttg cgc ccg ctt att acg cag ttg cag atc gtc cag ttc			678
Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln Ile Val Gln Phe			
200	205	210	
att ttc agc atc ggc atc cat acc gcc att tac tgg cac tac gac tgc			726
Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp His Tyr Asp Cys			
215	220	225	
gag ccg ctc gtg cat acc cac ttt tgg gaa tac gtc acg ccc tac ctt			774
Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val Thr Pro Tyr Leu			

230 235 240

ttc gtc gtg ccc ttc ctc atc ctc ttt ttc aat ttt tac ctg cag cag 822  
Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe Tyr Leu Gln Gln  
245 250 255 260

tac gtc ctc gcg ccc gca aaa acc aag aag gca tag ccacgtaaca 868  
Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala  
265 270

gtagaccagc agcgccgagg acgcgtgccg cgttatcgcg aagcacgaaa taaagaagat 928

catttgattc aacgaggcta cttgcggcca cgagaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 988

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1048

ctcgag 1054

&lt;210&gt; 6

&lt;211&gt; 271

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Thraustochytrium

&lt;400&gt; 6

Met Met Glu Pro Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala  
1 5 10 15

Arg Tyr Ala Ser Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala  
20 25 30

Lys Asp Ser Phe Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu  
35 40 45

Leu Val Gly Ser Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr  
50 55 60

Ala Leu Arg Asn Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His  
65 70 75 80

Asn Leu Gly Leu Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser  
85 90 95

Tyr Leu Met Ile Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr  
100 105 110

Cys Glu Pro Leu Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe  
115 120 125

Ala Leu Ser Lys Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val  
130 135 140

Lys Gly Asn Lys Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr  
145 150 155 160

Phe Trp Leu Tyr Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr  
165 170 175

Gly Val Ala Val Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr  
180 185 190

Phe Arg Pro Phe Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln  
195 200 205

Ile Val Gln Phe Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp  
210 215 220

His Tyr Asp Cys Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val  
225 230 235 240

Thr Pro Tyr Leu Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe  
245 250 255

Tyr Leu Gln Gln Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala  
260 265 270

<210> 7

<211> 2040

<212> DNA

&lt;213&gt; Ceratodon purpureus

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (176)..(1627)

&lt;223&gt; Delta-6-Desaturase

&lt;400&gt; 7

ctcaggcagg tctcagttga tgagacgctg agttctgaat cctttgagct gtgtcaggct 60

cggcacttgt gggatggtga aggagtgatc gatcaggagt gcaggagctg cattagtttc 120

tcagggtcga tcagggttatt ctgaaaaagg ctgcgtctgt gagcagtttg caaaa atg 178

Met

1

gcc ctc gtt acc gac ttt ctg aac ttt ctg ggc acg aca tgg agc aag 226

Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser Lys

5

10

15

tac agc gtg tac acc cat agc tat gct gga aac tat ggg cct act ttg 274

Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr Leu

20

25

30

aag cac gcc aaa aag gtt tct gct caa ggt aaa act gcg gga cag aca 322

Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln Thr

35

40

45

ctg aga cag aga tcg gtg cag gac aaa aag cca ggc act tac tct ctg 370

Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser Leu

50

55

60

65

gcc gat gtt gct tct cac gac agg cct gga gac tgc tgg atg atc gtc 418

Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile Val

70

75

80

aaa gag aag gtg tat gat att agc cgt ttt gcg gac gac cac cct gga 466

Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro Gly

85

90

95

ggg acg gta att agc acc tac ttt ggg cgg gat ggc aca gac gtt ttc 514  
 Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe  
 100 105 110

gca aca ttc cat cca cct gcc gca tgg aag caa ctc aat gac tac tac 562  
 Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr Tyr  
 115 120 125

att gga gac ctt gct agg gaa gag ccc ctt gat gaa ttg ctt aaa gac 610  
 Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys Asp  
 130 135 140 145

tac aga gat atg aga gcc gag ttt gtt aga gaa ggg ctt ttc aag agt 658  
 Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys Ser  
 150 155 160

tcc aag gcc tgg ttc ctg ctt cag act ctg att aat gca gct ctc ttt 706  
 Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu Phe  
 165 170 175

gct gcg agc att gcg act atc tgt tac gac aag agt tac tgg gct att 754  
 Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala Ile  
 180 185 190

gtg ctg tca gcc agt ttg atg ggt ctc ttc gtc caa cag tgt gga tgg 802  
 Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly Trp  
 195 200 205

ctt gcc cat gat ttc ctt cat caa cag gtc ttt gag aac cgt acc gcg 850  
 Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr Ala  
 210 215 220 225

aac tcc ttc ttt ggc tat ttg ttc ggc aat tgc gtg ctt ggc ttt agt 898  
 Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe Ser  
 230 235 240

gta tca tgg tgg agg acg aag cac aac att cat cat act gct ccg aat 946  
 Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro Asn  
 245 250 255



gag tgc gac gaa cag tac aca cct cta gac gaa gac att gat act ctc	994
Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu	
260 265 270	
ccc atc att gcc tgg agc aag gaa att ttg gcc acc gtt gag agc aag	1042
Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser Lys	
275 280 285	
aga att ttg cga gtg ctt caa tat cag cac tac atg att ctg cct cta	1090
Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro Leu	
290 295 300 305	
ttg ttc atg gcc cgg tac agt tgg act ttt gga agt ttg ctc ttc aca	1138
Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe Thr	
310 315 320	
ttc aat cct gat ttg agc acg acc aag gga ttg ata gag aag gga aca	1186
Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly Thr	
325 330 335	
gtt gct ttt cac tac gcc tgg ttc agt tgg gct gcg ttc cat att ttg	1234
Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile Leu	
340 345 350	
ccg ggt gtc gct aag cct ctt gcg tgg atg gta gca act gag ctt gtg	1282
Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu Val	
355 360 365	
gcc ggt ttg ttg ttg gga ttc gtg ttt acg ttg agt cac aat gga aag	1330
Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly Lys	
370 375 380 385	
gag gtt tac aat gaa tcg aag gac ttc gtg aga gcc cag gtt att acc	1378
Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile Thr	
390 395 400	
acc cgt aac acc aag cga ggc tgg ttc aac gat tgg ttc act ggg gga	1426
Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly	
405 410 415	

ctc gac acc cag att gag cat cac ctg ttt cca aca atg ccc agg cac 1474  
Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His  
420 425 430

aac tac ccc aag atc gca cct cag gtc gag gct ctt tgc aag aag cac 1522  
Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys His  
435 440 445

ggc ctc gag tac gat aat gtc tcc gtc gtt ggt gcc tct gtc gcg gtt 1570  
Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala Val  
450 455 460 465

gtg aag gcg ctc aag gaa att gct gat gaa gcg tca att cgg ctt cac 1618  
Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu His  
470 475 480

gct cac taa gaaatcgctg aacttttgact attcattttt ttcgcctggc 1667  
Ala His

tacctcaaat gttcgggagc aggtgcttgg cagtgtgttc aaccggagcg cactgaaaat 1727

gtgcagaatc catttccaga aattaccatt cctagctaaa tcttcttttt accaggtcgg 1787

atatatgaaa cttttttgat gcaacaagta gcattcaatt gaagacattg ttcgagatat 1847

aattcgcagt gtttctattc agcggggcata cgtactagtc catatcggcg gttgccgaga 1907

gtttacatta ttagttggca caacgagtag atctagtgtgta aatttctatt tccgcatgta 1967

atattactct gaatatatac cgttatctat tttcctaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2027

aaaaaaaaaa aaa 2040

<210> 8

<211> 483

<212> PRT

<213> Ceratodon purpureus

<400> 8

Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser  
 1 5 10 15

Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr  
 20 25 30

Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln  
 35 40 45

Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser  
 50 55 60

Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile  
 65 70 75 80

Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro  
 85 90 95

Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val  
 100 105 110

Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr  
 115 120 125

Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys  
 130 135 140

Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys  
 145 150 155 160

Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu  
 165 170 175

Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala  
 180 185 190

Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly  
 195 200 205

Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr

210 215 220

Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe  
225 230 235 240

Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro  
245 250 255

Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr  
260 265 270

Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser  
275 280 285

Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro  
290 295 300

Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe  
305 310 315 320

Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly  
325 330 335

Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile  
340 345 350

Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu  
355 360 365

Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly  
370 375 380

Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile  
385 390 395 400

Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly  
405 410 415

Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg  
420 425 430

His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys  
 435 440 445

His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala  
 450 455 460

Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu  
 465 470 475 480

His Ala His

<210> 9

<211> 1467

<212> DNA

<213> *Ceratodon purpureus*

<220>

<221> CDS

<222> (10)..(1461)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 9

ggatccaaa atg gcc ctc gtt acc gac ttt ctg aac ttt ctg ggc acg aca 51  
 Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr  
 1 5 10

tgg agc aag tac agc gtg tac acc cat agc tat gct gga aac tat ggg 99  
 Trp Ser Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly  
 15 20 25 30

cct act ttg aag cac gcc aaa aag gtt tct gct caa ggt aaa act gcg 147  
 Pro Thr Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala  
 35 40 45

gga cag aca ctg aga cag aga tcg gtg cag gac aaa aag cca ggc act 195  
 Gly Gln Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr  
 50 55 60

tac tct ctg gcc gat gtt gct tct cac gac agg cct gga gac tgc tgg	243
Tyr Ser Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp	
65 70 75	
atg atc gtc aaa gag aag gtg tat gat att agc cgt ttt gcg gac gac	291
Met Ile Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp	
80 85 90	
cac cct gga ggg acg gta att agc acc tac ttt ggg cgg gat ggc aca	339
His Pro Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr	
95 100 105 110	
gac gtt ttc gca aca ttc cat cca cct gcc gca tgg aag caa ctc aat	387
Asp Val Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn	
115 120 125	
gac tac tac att gga gac ctt gct agg gaa gag ccc ctt gat gaa ttg	435
Asp Tyr Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu	
130 135 140	
ctt aaa gac tac aga gat atg aga gcc gag ttt gtt aga gaa ggg ctt	483
Leu Lys Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu	
145 150 155	
ttc aag agt tcc aag gcc tgg ttc ctg ctt cag act ctg att aat gca	531
Phe Lys Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala	
160 165 170	
gct ctc ttt gct gcg agc att gcg act atc tgt tac gac aag agt tac	579
Ala Leu Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr	
175 180 185 190	
tgg gct att gtg ctg tca gcc agt ttg atg ggt ctc ttc gtc caa cag	627
Trp Ala Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln	
195 200 205	
tgt gga tgg ctt gcc cat gat ttc ctt cat caa cag gtc ttt gag aac	675
Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn	
210 215 220	

cgt acc gcg aac tcc ttc ttt ggc tat ttg ttc ggc aat tgc gtg ctt 723  
 Arg Thr Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu  
 225 230 235

ggc ttt agt gta tca tgg tgg agg acg aag cac aac att cat cat act 771  
 Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr  
 240 245 250

gct ccg aat gag tgc gac gaa cag tac aca cct cta gac gaa gac att 819  
 Ala Pro Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile  
 255 260 265 270

gat act ctc ccc atc att gcc tgg agc aag gaa att ttg gcc acc gtt 867  
 Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val  
 275 280 285

gag agc aag aga att ttg cga gtg ctt caa tat cag cac tac atg att 915  
 Glu Ser Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile  
 290 295 300

ctg cct cta ttg ttc atg gcc cgg tac agt tgg act ttt gga agt ttg 963  
 Leu Pro Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu  
 305 310 315

ctc ttc aca ttc aat cct gat ttg agc acg acc aag gga ttg ata gag 1011  
 Leu Phe Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu  
 320 325 330

aag gga aca gtt gct ttt cac tac gcc tgg ttc agt tgg gct gcg ttc 1059  
 Lys Gly Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe  
 335 340 345 350

cat att ttg ccg ggt gtc gct aag cct ctt gcg tgg atg gta gca act 1107  
 His Ile Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr  
 355 360 365

gag ctt gtg gcc ggt ttg ttg ttg gga ttc gtg ttt acg ttg agt cac 1155  
 Glu Leu Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His  
 370 375 380

aat gga aag gag gtt tac aat gaa tcg aag gac ttc gtg aga gcc cag 1203  
Asn Gly Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln  
385 390 395

gtt att acc acc cgt aac acc aag cga ggc tgg ttc aac gat tgg ttc 1251  
val ile thr thr arg asn thr lys arg gly trp phe asn asp trp phe  
400 405 410

act ggg gga ctc gac acc cag att gag cat cac ctg ttt cca aca atg 1299  
Thr Gly Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met  
415 420 425 430

ccc agg cac aac tac ccc aag atc gca cct cag gtc gag gct ctt tgc 1347  
Pro Arg His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys  
435 440 445

aag aag cac ggc ctc gag tac gat aat gtc tcc gtc gtt ggt gcc tct 1395  
Lys Lys His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser  
450 455 460

gtc gcg gtt gtg aag gcg ctc aag gaa att gct gat gaa gcg tca att 1443  
Val Ala Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile  
465 470 475

cgg ctt cac gct cac taa gtcgac 1467  
Arg Leu His Ala His  
480

<210> 10

<211> 483

<212> PRT

<213> Ceratodon purpureus

<400> 10

Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser  
1 5 10 15

Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr  
20 25 30



Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln  
35 40 45

Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser  
50 55 60

Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile  
65 70 75 80

Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro  
85 90 95

Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val  
100 105 110

Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr  
115 120 125

Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys  
130 135 140

Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys  
145 150 155 160

Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu  
165 170 175

Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala  
180 185 190

Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly  
195 200 205

Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr  
210 215 220

Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe  
225 230 235 240

Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro  
245 250 255

Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr  
260 265 270

Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser  
275 280 285

Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro  
290 295 300

Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe  
305 310 315 320

Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly  
325 330 335

Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile  
340 345 350

Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu  
355 360 365

Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly  
370 375 380

Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile  
385 390 395 400

Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly  
405 410 415

Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg  
420 425 430

His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys  
435 440 445

His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala

450

455

460

Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu  
 465 470 475 480

His Ala His

&lt;210&gt; 11

&lt;211&gt; 2160

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Ceratodon purpureus

&lt;220&gt; .

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (159)..(1721).

&lt;223&gt; Delta-6-Desaturase

&lt;400&gt; 11

cggaggtctc ttgtcgttct tggagctctg gtcgagcttg gaatgcggta ggcgcgggccg 60

tttcgtgggtt ttggcgttgg cattgcgcga gggcggacag tgggagtgcg ggaggtctgt 120

ttgtgcatga cgaggtgggt gtaatcttcg ccggcaga atg gtg tcc cag ggc ggc 176

Met Val Ser Gln Gly Gly

1

5

ggg ctc tcg cag ggt tcc att gaa gaa aac att gac gtt gag cac ttg 224

Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Leu

10

15

20

gca acg atg ccc ctc gtc agt gac ttc cta aat gtc ctg gga acg act 272

Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu Asn Val Leu Gly Thr Thr

25

30

35

ttg ggc cag tgg agt ctt tcc act aca ttc gct ttc aag agg ctc acg 320

Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe Ala Phe Lys Arg Leu Thr

40

45

50

act aag aaa cac agt tcg gac atc tcg gtg gag gca caa aaa gaa tcg 368

Thr	Lys	Lys	His	Ser	Ser	Asp	Ile	Ser	Val	Glu	Ala	Gln	Lys	Glu	Ser		
55					60					65					70		
gtt	gcg	cgg	ggg	cca	gtt	gag	aat	att	tct	caa	tcg	gtt	gcg	cag	ccc	416	
Val	Ala	Arg	Gly	Pro	Val	Glu	Asn	Ile	Ser	Gln	Ser	Val	Ala	Gln	Pro		
				75					80					85			
atc	agg	cgg	agg	tgg	gtg	cag	gat	aaa	aag	ccg	gtt	act	tac	agc	ctg	464	
Ile	Arg	Arg	Arg	Trp	Val	Gln	Asp	Lys	Lys	Pro	Val	Thr	Tyr	Ser	Leu		
				90				95						100			
aag	gat	gta	gct	tcg	cac	gat	atg	ccc	cag	gac	tgc	tgg	att	ata	atc	512	
Lys	Asp	Val	Ala	Ser	His	Asp	Met	Pro	Gln	Asp	Cys	Trp	Ile	Ile	Ile		
		105					110					115					
aaa	gag	aag	gtg	tat	gat	gtg	agc	acc	ttc	gct	gag	cag	cac	cct	gga	560	
Lys	Glu	Lys	Val	Tyr	Asp	Val	Ser	Thr	Phe	Ala	Glu	Gln	His	Pro	Gly		
		120				125					130						
ggc	acg	gtt	atc	aac	acc	tac	ttc	gga	cga	gac	gcc	aca	gat	gtt	ttc	608	
Gly	Thr	Val	Ile	Asn	Thr	Tyr	Phe	Gly	Arg	Asp	Ala	Thr	Asp	Val	Phe		
135					140				145					150			
tct	act	ttc	cac	gca	tcc	acc	tca	tgg	aag	att	ctt	cag	aat	ttc	tac	656	
Ser	Thr	Phe	His	Ala	Ser	Thr	Ser	Trp	Lys	Ile	Leu	Gln	Asn	Phe	Tyr		
				155					160					165			
atc	ggg	aac	ctt	gtt	agg	gag	gag	ccg	act	ttg	gag	ctg	ctg	aag	gag	704	
Ile	Gly	Asn	Leu	Val	Arg	Glu	Glu	Pro	Thr	Leu	Glu	Leu	Leu	Lys	Glu		
			170				175					180					
tac	aga	gag	ttg	aga	gcc	ctt	ttc	ttg	aga	gaa	cag	ctt	ttc	aag	agt	752	
Tyr	Arg	Glu	Leu	Arg	Ala	Leu	Phe	Leu	Arg	Glu	Gln	Leu	Phe	Lys	Ser		
		185				190					195						
tcc	aaa	tcc	tac	tac	ctt	ttc	aag	act	ctc	ata	aat	gtt	tcc	att	gtt	800	
Ser	Lys	Ser	Tyr	Tyr	Leu	Phe	Lys	Thr	Leu	Ile	Asn	Val	Ser	Ile	Val		
		200				205				210							
gcc	aca	agc	att	gcg	ata	atc	agt	ctg	tac	aag	tct	tac	cgg	gcg	gtt	848	

Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr Lys Ser Tyr Arg Ala Val	
215	220 225 230
ctg tta tca gcc agt ttg atg ggc ttg ttt att caa cag tgc gga tgg	896
Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Ile Gln Gln Cys Gly Trp	
	235 240 245
ttg tct cac gat ttt cta cac cat cag gta ttt gag aca cgc tgg ctc	944
Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu	
	250 255 260
aat gac gtt gtt ggc tat gtg gtc ggc aac gtt gtt ctg gga ttc agt	992
Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn Val Val Leu Gly Phe Ser	
	265 270 275
gtc tcg tgg tgg aag acc aag cac aac ctg cat cat gct gct ccg aat	1040
Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn	
	280 285 290
gaa tgc gac caa aag tac aca ccg att gat gag gat att gat act ctc	1088
Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu	
	295 300 305 310
ccc atc att gct tgg agt aaa gat ctc ttg gcc act gtt gag agc aag	1136
Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu Ala Thr Val Glu Ser Lys	
	315 320 325
acc atg ttg cga gtt ctt cag tac cag cac cta ttc ttt ttg gtt ctt	1184
Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Leu Val Leu	
	330 335 340
ttg acg ttt gcc cgg gcg agt tgg cta ttt tgg agc gcg gcc ttc act	1232
Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe Trp Ser Ala Ala Phe Thr	
	345 350 355
ctc agg ccc gag ttg acc ctt ggc gag aag ctt ttg gag agg gga acg	1280
Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys Leu Leu Glu Arg Gly Thr	
	360 365 370
atg gct ttg cac tac att tgg ttt aat agt gtt gcg ttt tat ctg ctc	1328

Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser Val Ala Phe Tyr Leu Leu  
 375 380 385 390

ccc gga tgg aaa cca gtt gta tgg atg gtg gtc agc gag ctc atg tct 1376  
 Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val Val Ser Glu Leu Met Ser  
 395 400 405

ggt ttc ctg ctg gga tac gta ttt gta ctc agt cac aat gga atg gag 1424  
 Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu  
 410 415 420

gtg tac aat acg tca aag gac ttc gtg aat gcc cag att gca tcg act 1472  
 Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn Ala Gln Ile Ala Ser Thr  
 425 430 435

cgc gac atc aaa gca ggg gtg ttt aat gat tgg ttc acc gga ggt ctc 1520  
 Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu  
 440 445 450

aac aga cag att gag cat cat cta ttt cca acg atg ccc agg cac aac 1568  
 Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn  
 455 460 465 470

ctt aat aaa att tct cct cac gtg gag act ttg tgc aag aag cat gga 1616  
 Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr Leu Cys Lys Lys His Gly  
 475 480 485

ctg gtc tac gaa gac gtg agc atg gct tcg ggc act tac cgg gtt ttg 1664  
 Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser Gly Thr Tyr Arg Val Leu  
 490 495 500

aaa aca ctt aag gac gtt gcc gat gct gct tca cac cag cag ctt gct 1712  
 Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala Ser His Gln Gln Leu Ala  
 505 510 515

gcg agt tga ggcatcgag cactcgctga aacatttttg tctgttatag 1761  
 Ala Ser  
 520

tggtcatatg tgatcgaggg gaaaaggtcc catgctctga tctattcttc tgtagccaat 1821

atttttcaat tgaaaggagg ttcttcactt atcttccatc tategttgca catcctgcat 1881  
 cagagttagc gttggagtaa tgtaagcac ttgtagatta tgcccacat tgccacattt 1941  
 ctgttcggtt acaatcggtt gattccatgc tatectcgt gttcatctcg ttgttataag 2001  
 caagcttgaa aaaacatgct acgagattgg cagacgttgt cttggcagct gtagagggtg 2061  
 gttccattca ttgtgtagta cagaactctc tcgtccctgt ttctctacat tacttggttac 2121  
 atagtgactt tcattcacag caaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2160

&lt;210&gt; 12

&lt;211&gt; 520

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Ceratodon purpureus

&lt;400&gt; 12

Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn  
 1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu  
 20 25 30

Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe  
 35 40 45

Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val  
 50 55 60

Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser  
 65 70 75 80

Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys  
 85 90 95

Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln  
 100 105 110

Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe  
 115 120 125

Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg  
 130 135 140

Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys  
 145 150 155 160

Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr  
 165 170 175

Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg  
 180 185 190

Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu  
 195 200 205

Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr  
 210 215 220

Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe  
 225 230 235 240

Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val  
 245 250 255

Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn  
 260 265 270

Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu  
 275 280 285

His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp  
 290 295 300

Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu  
 305 310 315 320



Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His  
325 330 335

Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe  
340 345 350

Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys  
355 360 365

Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser  
370 375 380

Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val  
385 390 395 400

Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu  
405 410 415

Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn  
420 425 430

Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp  
435 440 445

Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro  
450 455 460

Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr  
465 470 475 480

Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser  
485 490 495

Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala  
500 505 510

Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser  
515 520

<210> 13  
 <211> 1434  
 <212> DNA  
 <213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1434)  
 <223> Delta-6-Desaturase

<400> 13  
 atg ggc aaa gga ggg gac gct cgg gcc tcg aag ggc tca acg gcg gct 48  
 Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala  
 1 5 10 15  
 cgc aag atc agt tgg cag gaa gtc aag acc cac gcg tct ccg gag gac 96  
 Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp  
 20 25 30  
 gcc tgg atc att cac tcc aat aag gtc tac gac gtg tcc aac tgg cac 144  
 Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His  
 35 40 45  
 gaa cat ccc gga ggc gcc gtc att ttc acg cac gcc ggt gac gac atg 192  
 Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met  
 50 55 60  
 acg gac att ttc gct gcc ttt cac gca ccc gga tcg cag tcg ctc atg 240  
 Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met  
 65 70 75 80  
 aag aag ttc tac att ggc gaa ttg ctc ccg gaa acc acc ggc aag gag 288  
 Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu  
 85 90 95  
 ccg cag caa atc gcc ttt gaa aag ggc tac cgc gat ctg cgc tcc aaa 336  
 Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys  
 100 105 110  
 ctc atc atg atg ggc atg ttc aag tcc aac aag tgg ttc tac gtc tac 384

Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr	
115 120 125	
aag tgc ctc agc aac atg gcc att tgg gcc gcc gcc tgt gct ctc gtc	432
Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val	
130 135 140	
ttt tac tcg gac cgc ttc tgg gta cac ctg gcc agc gcc gtc atg ctg	480
Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu	
145 150 155 160	
gga aca ttc ttt cag cag tcg gga tgg ttg gca cac gac ttt ctg cac	528
Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His	
165 170 175	
cac cag gtc ttc acc aag cgc aag cac ggg gat ctc gga gga ctc ttt	576
His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe	
180 185 190	
tgg ggg aac ctc atg cag ggt tac tcc gta cag tgg tgg aaa aac aag	624
Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys	
195 200 205	
cac aac gga cac cac gcc gtc ccc aac ctc cac tgc tcc tcc gca gtc	672
His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val	
210 215 220	
gcg caa gat ggg gac ccg gac atc gat acc atg ccc ctt ctc gcc tgg	720
Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp	
225 230 235 240	
tcc gtc cag caa gcc cag tct tac cgg gaa ctc caa gcc gac gga aag	768
Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys	
245 250 255	
gat tcg ggt ttg gtc aag ttc atg atc cgt aac caa tcc tac ttt tac	816
Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr	
260 265 270	
ttt ccc atc ttg ttg ctc gcc cgc ctg tcg tgg ttg aac gag tcc ttc	864

Phe	Pro	Ile	Leu	Leu	Leu	Ala	Arg	Leu	Ser	Trp	Leu	Asn	Glu	Ser	Phe		
	275						280					285					
aag	tgc	gcc	ttt	ggg	ctt	gga	gct	gcg	tcg	gag	aac	gct	gct	ctc	gaa	912	
Lys	Cys	Ala	Phe	Gly	Leu	Gly	Ala	Ala	Ser	Glu	Asn	Ala	Ala	Leu	Glu		
	290					295					300						
ctc	aag	gcc	aag	ggt	ctt	cag	tac	ccc	ctt	ttg	gaa	aag	gct	ggc	atc	960	
Leu	Lys	Ala	Lys	Gly	Leu	Gln	Tyr	Pro	Leu	Leu	Glu	Lys	Ala	Gly	Ile		
305					310					315					320		
ctg	ctg	cac	tac	gct	tgg	atg	ctt	aca	gtt	tcg	tcc	ggc	ttt	gga	cgc	1008	
Leu	Leu	His	Tyr	Ala	Trp	Met	Leu	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Phe	Gly	Arg		
				325					330					335			
ttc	tcg	ttc	gcg	tac	acc	gca	ttt	tac	ttt	cta	acc	gcg	acc	gcg	tcc	1056	
Phe	Ser	Phe	Ala	Tyr	Thr	Ala	Phe	Tyr	Phe	Leu	Thr	Ala	Thr	Ala	Ser		
			340					345					350				
tgt	gga	ttc	ttg	ctc	gcc	att	gtc	ttt	ggc	ctc	ggc	cac	aac	ggc	atg	1104	
Cys	Gly	Phe	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Phe	Gly	Leu	Gly	His	Asn	Gly	Met		
	355					360						365					
gcc	acc	tac	aat	gcc	gac	gcc	cgt	ccg	gac	ttc	tgg	aag	ctc	caa	gtc	1152	
Ala	Thr	Tyr	Asn	Ala	Asp	Ala	Arg	Pro	Asp	Phe	Trp	Lys	Leu	Gln	Val		
	370					375					380						
acc	acg	act	cgc	aac	gtc	acg	ggc	gga	cac	ggt	ttc	ccc	caa	gcc	ttt	1200	
Thr	Thr	Thr	Arg	Asn	Val	Thr	Gly	Gly	His	Gly	Phe	Pro	Gln	Ala	Phe		
385					390					395				400			
gtc	gac	tgg	ttc	tgt	ggt	ggc	ctc	cag	tac	caa	gtc	gac	cac	cac	tta	1248	
Val	Asp	Trp	Phe	Cys	Gly	Gly	Leu	Gln	Tyr	Gln	Val	Asp	His	His	Leu		
				405				410						415			
ttc	ccc	agc	ctg	ccc	cga	cac	aat	ctg	gcc	aag	aca	cac	gca	ctg	gtc	1296	
Phe	Pro	Ser	Leu	Pro	Arg	His	Asn	Leu	Ala	Lys	Thr	His	Ala	Leu	Val		
			420					425					430				
gaa	tcg	ttc	tgc	aag	gag	tgg	ggt	gtc	cag	tac	cac	gaa	gcc	gac	ctt	1344	

Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu  
 435 440 445

gtg gac ggg acc atg gaa gtc ttg cac cat ttg ggc agc gtg gcc ggc 1392  
 Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly  
 450 455 460

gaa ttc gtc gtg gat ttt gta cgc gat gga ccc gcc atg taa 1434  
 Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met  
 465 470 475

<210> 14

<211> 477

<212> PRT

<213> Phaeodactylum tricornutum

<400> 14

Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala  
 1 5 10 15

Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp  
 20 25 30

Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His  
 35 40 45

Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met  
 50 55 60

Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met  
 65 70 75 80

Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu  
 85 90 95

Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys  
 100 105 110

Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr

115	120	125
Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val		
130	135	140
Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu		
145	150	155 160
Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His		
165	170	175
His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe		
180	185	190
Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys		
195	200	205
His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val		
210	215	220
Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp		
225	230	235 240
Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys		
245	250	255
Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr		
260	265	270
Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe		
275	280	285
Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu		
290	295	300
Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile		
305	310	315 320
Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg		
325	330	335

Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser  
340 345 350

Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met  
355 360 365

Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val  
370 375 380

Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe  
385 390 395 400

Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu  
405 410 415

Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val  
420 425 430

Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu  
435 440 445

Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly  
450 455 460

Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met  
465 470 475

<210> 15

<211> 1563

<212> DNA

<213> Ceratodon purpureus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1563)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 15

atg gtg tcc cag ggc ggc ggt ctc tcg cag ggt tcc att gaa gaa aac	48
Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn	
1 5 10 15	
att gac gtt gag cac ttg gca acg atg ccc ctc gtc agt gac ttc cta	96
Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu	
20 25 30	
aat gtc ctg gga acg act ttg ggc cag tgg agt ctt tcc act aca ttc	144
Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe	
35 40 45	
gct ttc aag agg ctc acg act aag aaa cac agt tcg gac atc tcg gtg	192
Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val	
50 55 60	
gag gca caa aaa gaa tcg gtt gcg cgg ggg cca gtt gag aat att tct	240
Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser	
65 70 75 80	
caa tcg gtt gcg cag ccc atc agg cgg agg tgg gtg cag gat aaa aag	288
Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys	
85 90 95	
ccg gtt act tac agc ctg aag gat gta gct tcg cac gat atg ccc cag	336
Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln	
100 105 110	
gac tgc tgg att ata atc aaa gag aag gtg tat gat gtg agc acc ttc	384
Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe	
115 120 125	
gct gag cag cac cct gga ggc acg gtt atc aac acc tac ttc gga cga	432
Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg	
130 135 140	
gac gcc aca gat gtt ttc tct act ttc cac gca tcc acc tca tgg aag	480
Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys	
145 150 155 160	



att ctt cag aat ttc tac atc ggg aac ctt gtt agg gag gag ccg act	528
Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr	
165 170 175	
ttg gag ctg ctg aag gag tac aga gag ttg aga gcc ctt ttc ttg aga	576
Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg	
180 185 190	
gaa cag ctt ttc aag agt tcc aaa tcc tac tac ctt ttc aag act ctc	624
Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu	
195 200 205	
ata aat gtt tcc att gtt gcc aca agc att gcg ata atc agt ctg tac	672
Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr	
210 215 220	
aag tct tac cgg gcg gtt ctg tta tca gcc agt ttg atg ggc ttg ttt	720
Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe	
225 230 235 240	
att caa cag tgc gga tgg ttg tct cac gat ttt cta cac cat cag gta	768
Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val	
245 250 255	
ttt gag aca cgc tgg ctc aat gac gtt gtt ggc tat gtg gtc ggc aac	816
Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn	
260 265 270	
gtt gtt ctg gga ttc agt gtc tcg tgg tgg aag acc aag cac aac ctg	864
Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu	
275 280 285	
cat cat gct gct ccg aat gaa tgc gac caa aag tac aca ccg att gat	912
His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp	
290 295 300	
gag gat att gat act ctc ccc atc att gct tgg agt aaa gat ctc ttg	960
Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu	
305 310 315 320	

gcc act gtt gag agc aag acc atg ttg cga gtt ctt cag tac cag cac	1008
Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His	
325 330 335	
cta ttc ttt ttg gtt ctt ttg acg ttt gcc cgg gcg agt tgg cta ttt	1056
Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe	
340 345 350	
tgg agc gcg gcc ttc act ctc agg ccc gag ttg acc ctt ggc gag aag	1104
Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys	
355 360 365	
ctt ttg gag agg gga acg atg gct ttg cac tac att tgg ttt aat agt	1152
Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser	
370 375 380	
gtt gcg ttt tat ctg ctc ccc gga tgg aaa cca gtt gta tgg atg gtg	1200
Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val	
385 390 395 400	
gtc agc gag ctc atg tct ggt ttc ctg ctg gga tac gta ttt gta ctc	1248
Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu	
405 410 415	
agt cac aat gga atg gag gtg tac aat acg tca aag gac ttc gtg aat	1296
Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn	
420 425 430	
gcc cag att gca tcg act cgc gac atc aaa gca ggg gtg ttt aat gat	1344
Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp	
435 440 445	
tgg ttc acc gga ggt ctc aac aga cag att gag cat cat cta ttt cca	1392
Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro	
450 455 460	
acg atg ccc agg cac aac ctt aat aaa att tct cct cac gtg gag act	1440
Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr	
465 470 475 480	

ttg tgc aag aag cat gga ctg gtc tac gaa gac gtg agc atg gct tcg 1488  
 Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser  
                     485                    490                    495

ggc act tac cgg gtt ttg aaa aca ctt aag gac gtt gcc gat gct gct 1536  
 Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala  
                     500                    505                    510

tca cac cag cag ctt gct gcg agt tga 1563  
 Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser  
                     515                    520

<210> 16

<211> 520

<212> PRT

<213> Ceratodon purpureus

<400> 16

Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn  
           1                    5                    10                    15

Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu  
                     20                    25                    30

Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe  
                     35                    40                    45

Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val  
                     50                    55                    60

Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser  
                     65                    70                    75                    80

Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys  
                     85                    90                    95

Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln  
                     100                    105                    110

Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe  
115 120 125

Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg  
130 135 140

Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys  
145 150 155 160

Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr  
165 170 175

Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg  
180 185 190

Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu  
195 200 205

Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr  
210 215 220

Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe  
225 230 235 240

Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val  
245 250 255

Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn  
260 265 270

Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu  
275 280 285

His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp  
290 295 300

Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu  
305 310 315 320

Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His

325 330 335

Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe  
340 345 350

Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys  
355 360 365

Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser  
370 375 380

Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val  
385 390 395 400

Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu  
405 410 415

Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn  
420 425 430

Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp  
435 440 445

Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro  
450 455 460

Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr  
465 470 475 480

Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser  
485 490 495

Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala  
500 505 510

Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser  
515 520

&lt;211&gt; 1578

&lt;212&gt; DNA

<213> *Physcomitrella patens*

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(1578)

&lt;223&gt; Delta-6-Desaturase

&lt;400&gt; 17

```

atg gta ttc gcg ggc ggt gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac      48
Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn
   1             5             10             15

atc gac gtc gag cac att gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc      96
Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe
          20             25             30

agt tat gtg tct tca act gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa      144
Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln
          35             40             45

cct ttg aag cgc ctg acg agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc      192
Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala
          50             55             60

gtg caa tgt ata tca gct gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga      240
Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly
          65             70             75             80

act gcg gag gca ctc gca gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg      288
Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg
          85             90             95

tca tct cag tgg aag aag tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta      336
Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val
          100            105            110

cac aac aag cca agc gat tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat      384
His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr

```

115	120	125	
gat gtt tcc aat ttt gcg gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt 432			
Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser			
130	135	140	
act tat ttt gga cga gac ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca 480			
Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala			
145	150	155	160
gct tct aca tgg aaa att ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag 528			
Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu			
165	170	175	
agg gtg gag ccg act cca gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga 576			
Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg			
180	185	190	
gct ctt ttc ctg agg gag caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat 624			
Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr			
195	200	205	
gtt atg aag ctg ctc acg aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca 672			
Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala			
210	215	220	
ata ata tgt tgg agc aag act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt 720			
Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys			
225	230	235	240
atg atg gct ctg tgt ttc caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt 768			
Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe			
245	250	255	
ctc cac aat cag gtg ttt gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg 816			
Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly			
260	265	270	
tat gtg atc ggc aac gcc gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag 864			
Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys			

275	280	285	
gag aag cat aac ctt cat cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act			912
Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr			
290	295	300	
tac caa cca att gat gaa gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg			960
Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp			
305	310	315	320
agc aag gac ata ctg gcc aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc			1008
Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile			
325	330	335	
ctc caa tac cag cat ctg ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt			1056
Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg			
340	345	350	
ggg agt tgg ctc ttt tgg agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc			1104
Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu			
355	360	365	
tca cct gtc gac agg ttg ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac			1152
Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr			
370	375	380	
ttt tgg ttc gtc ggg aca gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca			1200
Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro			
385	390	395	400
tta gta tgg atg gcg gtg act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc			1248
Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly			
405	410	415	
ttt gta ttt gta ctt agc cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct			1296
Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser			
420	425	430	
aaa gaa ttc gtg agt gca cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga			1344
Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly			



435

440

445

aac ata ttc aac gac tgg ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag 1392  
 Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu  
 450 455 460

cat cat ctt ttc cca aca atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca 1440  
 His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala  
 465 470 475 480

cct aga gtg gag gtg ttc tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac 1488  
 Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp  
 485 490 495

gta tct att gct acc ggc act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa 1536  
 Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu  
 500 505 510

gtc gcg gag gct gcg gca gag cag cat gct acc acc agt taa 1578  
 Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser  
 515 520 525

&lt;210&gt; 18

&lt;211&gt; 525

&lt;212&gt; PRT

<213> *Physcomitrella patens*

&lt;400&gt; 18

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn  
 1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe  
 20 25 30

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln  
 35 40 45

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala  
 50 55 60

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly  
65 70 75 80

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg  
85 90 95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val  
100 105 110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr  
115 120 125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser  
130 135 140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala  
145 150 155 160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu  
165 170 175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg  
180 185 190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr  
195 200 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala  
210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys  
225 230 235 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe  
245 250 255

Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly  
260 265 270

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys  
275 280 285

Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr  
290 295 300

Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp  
305 310 315 320

Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile  
325 330 335

Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg  
340 345 350

Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu  
355 360 365

Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr  
370 375 380

Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro  
385 390 395 400

Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly  
405 410 415

Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser  
420 425 430

Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly  
435 440 445

Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu  
450 455 460

His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala  
465 470 475 480

Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp

485

490

495

Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu  
 500 505 510

Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser  
 515 520 525

&lt;210&gt; 19

&lt;211&gt; 837

&lt;212&gt; DNA

<213> *Phytophthora infestans*

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(837)

&lt;223&gt; Delta-6-Elongase

&lt;400&gt; 19

atg tcg act gag cta ctg cag agc tac tac gcg tgg gcc aac gcc acg 48  
 Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr  
 1 5 10 15

gag gcc aag ctg ctg gac tgg gtc gac cct gag ggc ggc tgg aag gtg 96  
 Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val  
 20 25 30

cat cct atg gca gac tac ccc cta gcc aac ttc tcc agc gtc tac gcc 144  
 His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala  
 35 40 45

atc tgc gtc gga tac ttg ctc ttc gta atc ttc ggc acg gcc ctg atg 192  
 Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met  
 50 55 60

aaa atg gga gtc ccc gcc atc aag acc agt cca tta cag ttt gtg tac 240  
 Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr  
 65 70 75 80

aac ccc atc caa gtc att gcc tgc tct tat atg tgc gtg gag gcc gcc 288  
 Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala  
                     85                    90                    95

atc cag gcc tac cgc aac ggc tac acc gcc gcc ccg tgc aac gcc ttt 336  
 Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe  
                     100                    105                    110

aag tcc gac gac ccc gtc atg ggc aac gtt ctg tac ctc ttc tat ctc 384  
 Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu  
                     115                    120                    125

tcc aag atg ctc gac ctg tgc gac aca gtc ttc att atc cta gga aag 432  
 Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys  
                     130                    135                    140

aag tgg aaa cag ctt tcc atc ttg cac gtg tac cac cac ctt acc gtg 480  
 Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val  
 145                    150                    155                    160

ctt ttc gtc tac tat gtg acg ttc cgc gcc gct cag gac ggg gac tca 528  
 Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser  
                     165                    170                    175

tat gct acc atc gtg ctc aac ggc ttc gtg cac acc atc atg tac act 576  
 Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr  
                     180                    185                    190

tac tac ttc gtc agc gcc cac acg cgc aac att tgg tgg aag aag tac 624  
 Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr  
                     195                    200                    205

ctc acg cgc att cag ctt atc cag ttc gtg acc atg aac gtg cag ggc 672  
 Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly  
                     210                    215                    220

tac ctg acc tac tct cga cag tgc cca ggc atg cct cct aag gtg ccg 720  
 Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro  
 225                    230                    235                    240

ctc atg tac ctt gtg tac gtg cag tca ctc ttc tgg ctc ttc atg aat 768  
Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn  
245 250 255

ttc tac att cgc gcg tac gtg ttc ggc ccc aag aaa ccg gcc gtg gag 816  
Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu  
260 265 270

gaa tcg aag aag aag ttg taa 837  
Glu Ser Lys Lys Lys Leu  
275

<210> 20

<211> 278

<212> PRT

<213> *Phytophthora infestans*

<400> 20

Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr  
1 5 10 15

Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val  
20 25 30

His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala  
35 40 45

Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met  
50 55 60

Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr  
65 70 75 80

Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala  
85 90 95

Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe  
100 105 110

Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu  
 115 120 125

Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys  
 130 135 140

Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val  
 145 150 155 160

Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser  
 165 170 175

Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr  
 180 185 190

Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr  
 195 200 205

Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly  
 210 215 220

Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro  
 225 230 235 240

Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn  
 245 250 255

Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu  
 260 265 270

Glu Ser Lys Lys Lys Leu  
 275

<210> 21

<211> 1410

<212> DNA

<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(1410)

&lt;223&gt; Delta-5-Desaturase

&lt;400&gt; 21

```

atg gct ccg gat gcg gat aag ctt cga caa cgc cag acg act gcg gta 48
Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val
    1             5             10             15

gcg aag cac aat gct gct acc ata tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt 96
Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser
          20             25             30

ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa gtc tgc atc gac gga atc atc tat 144
Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr
          35             40             45

gac ctc caa tca ttc gat cat ccc ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt 192
Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe
          50             55             60

ggg ggc aac gat gtc act gta cag tac aag atg att cac ccg tac cat 240
Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His
          65             70             75             80

acc gag aag cat ttg gaa aag atg aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat 288
Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp
          85             90             95

ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa 336
Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys
          100             105             110

cga gaa gtc ttc aag att gtg cga cga ggc aag gat ttc ggt act ttg 384
Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu
          115             120             125

gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc tac att gcc att ttc ttc tac ctg 432
Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu
          130             135             140

```



cag tac cat tgg gtc acc acg gga acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc 480  
 Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala  
 145 150 155 160

tac gga atc tcc caa gcg atg att ggc atg aat gtc cag cac gat gcc 528  
 Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala  
 165 170 175

aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc 576  
 Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly  
 180 185 190

ctc ggt gcg gat ttt att ggt ggt tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa 624  
 Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln  
 195 200 205

cac tgg acc cac cac gct tac acc aat cac gcc gag atg gat ccc gat 672  
 His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp  
 210 215 220

agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc cta ttc aac gac tat ccc ttg gat 720  
 Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp  
 225 230 235 240

cat ccc gct cgt acc tgg cta cat cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg 768  
 His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met  
 245 250 255

ccc gtc ttg gct gga tac tgg ttg tcc gct gtc ttc aat cca caa att 816  
 Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile  
 260 265 270

ctt gac ctc cag caa cgc ggc gca ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac 864  
 Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp  
 275 280 285

aac gct ttc att cac tcg cga cgc aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct 912  
 Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala  
 290 295 300

gtg	tac	att	gcg	gtg	aac	gtg	att	gct	ccg	ttt	tac	aca	aac	tcc	ggc	960
Val	Tyr	Ile	Ala	Val	Asn	Val	Ile	Ala	Pro	Phe	Tyr	Thr	Asn	Ser	Gly	
305					310					315					320	
ctc	gaa	tgg	tcc	tgg	cgt	gtc	ttt	gga	aac	atc	atg	ctc	atg	ggg	gtg	1008
Leu	Glu	Trp	Ser	Trp	Arg	Val	Phe	Gly	Asn	Ile	Met	Leu	Met	Gly	Val	
				325					330					335		
gcg	gaa	tgc	ctc	gcg	ctg	gcg	gtc	ctg	ttt	tgc	ttg	tgc	cac	aat	ttc	1056
Ala	Glu	Ser	Leu	Ala	Leu	Ala	Val	Leu	Phe	Ser	Leu	Ser	His	Asn	Phe	
			340					345					350			
gaa	tcc	gcg	gat	cgc	gat	ccg	acc	gcc	cca	ctg	aaa	aag	acg	gga	gaa	1104
Glu	Ser	Ala	Asp	Arg	Asp	Pro	Thr	Ala	Pro	Leu	Lys	Lys	Thr	Gly	Glu	
			355				360					365				
cca	gtc	gac	tgg	ttc	aag	aca	cag	gtc	gaa	act	tcc	tgc	act	tac	ggg	1152
Pro	Val	Asp	Trp	Phe	Lys	Thr	Gln	Val	Glu	Thr	Ser	Cys	Thr	Tyr	Gly	
	370					375					380					
gga	ttc	ctt	tcc	ggg	tgc	ttc	acg	gga	ggg	ctc	aac	ttt	cag	gtt	gaa	1200
Gly	Phe	Leu	Ser	Gly	Cys	Phe	Thr	Gly	Gly	Leu	Asn	Phe	Gln	Val	Glu	
385					390					395					400	
cac	cac	ttg	ttc	cca	cgc	atg	agc	agc	gct	tgg	tat	ccc	tac	att	gcc	1248
His	His	Leu	Phe	Pro	Arg	Met	Ser	Ser	Ala	Trp	Tyr	Pro	Tyr	Ile	Ala	
				405					410					415		
ccc	aag	gtc	cgc	gaa	att	tgc	gcc	aaa	cac	ggc	gtc	cac	tac	gcc	tac	1296
Pro	Lys	Val	Arg	Glu	Ile	Cys	Ala	Lys	His	Gly	Val	His	Tyr	Ala	Tyr	
			420					425					430			
tac	ccg	tgg	atc	cac	caa	aac	ttt	ctc	tcc	acc	gtc	cgc	tac	atg	cac	1344
Tyr	Pro	Trp	Ile	His	Gln	Asn	Phe	Leu	Ser	Thr	Val	Arg	Tyr	Met	His	
			435				440					445				
gcg	gcc	ggg	acc	ggg	gcc	aac	tgg	cgc	cag	atg	gcc	aga	gaa	aat	ccc	1392
Ala	Ala	Gly	Thr	Gly	Ala	Asn	Trp	Arg	Gln	Met	Ala	Arg	Glu	Asn	Pro	
	450					455					460					

ttg acc gga cgg gcg taa  
Leu Thr Gly Arg Ala  
465 470

1410

<210> 22  
<211> 469  
<212> PRT  
<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<400> 22  
Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val  
1 5 10 15

Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser  
20 25 30

Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr  
35 40 45

Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe  
50 55 60

Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His  
65 70 75 80

Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp  
85 90 95

Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys  
100 105 110

Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu  
115 120 125

Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu  
130 135 140

Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala

145	150	155	160
Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala			
165	170	175	
Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly			
180	185	190	
Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln			
195	200	205	
His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp			
210	215	220	
Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp			
225	230	235	240
His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met			
245	250	255	
Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile			
260	265	270	
Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp			
275	280	285	
Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala			
290	295	300	
Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly			
305	310	315	320
Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val			
325	330	335	
Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe			
340	345	350	
Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu			
355	360	365	

Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly  
 370 375 380

Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu  
 385 390 395 400

His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala  
 405 410 415

Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr  
 420 425 430

Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His  
 435 440 445

Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro  
 450 455 460

Leu Thr Gly Arg Ala  
 465

<210> 23

<211> 1344

<212> DNA

<213> Caenorhabditis elegans

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1344)

<223> Delta-5-Desaturase

<400> 23

atg gta tta cga gag caa gag cat gag cca ttc ttc att aaa att gat 48  
 Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp  
 1 5 10 15

gga aaa tgg tgt caa att gac gat gct gtc ctg aga tca cat cca ggt 96  
 Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly

20	25	30	
ggt agt gca att act acc tat aaa aat atg gat gcc act acc gta ttc	144		
Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe			
35	40	45	
cac aca ttc cat act ggt tct aaa gaa gcg tat caa tgg ctg aca gaa	192		
His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu			
50	55	60	
ttg aaa aaa gag tgc cct aca caa gaa cca gag atc cca gat att aag	240		
Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys			
65	70	75	80
gat gac cca atc aaa gga att gat gat gtg aac atg gga act ttc aat	288		
Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn			
85	90	95	
att tct gag aaa cga tct gcc caa ata aat aaa agt ttc act gat cta	336		
Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu			
100	105	110	
cgt atg cga gtt cgt gca gaa gga ctt atg gat gga tct cct ttg ttc	384		
Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe			
115	120	125	
tac att aga aaa att ctt gaa aca atc ttc aca att ctt ttt gca ttc	432		
Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe			
130	135	140	
tac ctt caa tac cac aca tat tat ctt cca tca gct att cta atg gga	480		
Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly			
145	150	155	160
gtt gcg tgg caa caa ttg gga tgg tta atc cat gaa ttc gca cat cat	528		
Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His			
165	170	175	
cag ttg ttc aaa aac aga tac tac aat gat ttg gcc agc tat ttc gtt	576		
Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val			

180	185	190	
gga aac ttt tta caa gga ttc tca tct ggt ggt tgg aaa gag cag cac			624
Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His			
195	200	205	
aat gtg cat cac gca gcc aca aat gtt gtt gga cga gac gga gat ctt			672
Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu			
210	215	220	
gat tta gtc cca ttc tat gct aca gtg gca gaa cat ctc aac aat tat			720
Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr			
225	230	235	240
tct cag gat tca tgg gtt atg act cta ttc aga tgg caa cat gtt cat			768
Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His			
245	250	255	
tgg aca ttc atg tta cca ttc ctc cgt ctc tcg tgg ctt ctt cag tca			816
Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser			
260	265	270	
atc att ttt gtt agt cag atg cca act cat tat tat gac tat tac aga			864
Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg			
275	280	285	
aat act gcg att tat gaa cag gtt ggt ctc tct ttg cac tgg gct tgg			912
Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp			
290	295	300	
tca ttg ggt caa ttg tat ttc cta ccc gat tgg tca act aga ata atg			960
Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met			
305	310	315	320
ttc ttc ctt gtt tct cat ctt gtt gga ggt ttc ctg ctc tct cat gta			1008
Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val			
325	330	335	
gtt act ttc aat cat tat tca gtg gag aag ttt gca ttg agc tcg aac			1056
Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn			

340

345

350

atc atg tca aat tac gct tgt ctt caa atc atg acc aca aga aat atg 1104  
 Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met  
 355 360 365

aga cct gga aga ttc att gac tgg ctt tgg gga ggt ctt aac tat cag 1152  
 Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln  
 370 375 380

att gag cac cat ctt ttc cca acg atg cca cga cac aac ttg aac act 1200  
 Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr  
 385 390 395 400

gtt atg cca ctt gtt aag gag ttt gca gca gca aat ggt tta cca tac 1248  
 Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr  
 405 410 415

atg gtc gac gat tat ttc aca gga ttc tgg ctt gaa att gag caa ttc 1296  
 Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe  
 420 425 430

cga aat att gca aat gtt gct gct aaa ttg act aaa aag att gcc tag 1344  
 Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala  
 435 440 445

&lt;210&gt; 24

&lt;211&gt; 447

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Caenorhabditis elegans

&lt;400&gt; 24

Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp  
 1 5 10 15

Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly  
 20 25 30

Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe



35 40 45

His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu  
50 55 60

Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys  
65 70 75 80

Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn  
85 90 95

Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu  
100 105 110

Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe  
115 120 125

Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe  
130 135 140

Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly  
145 150 155 160

Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His  
165 170 175

Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val  
180 185 190

Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His  
195 200 205

Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu  
210 215 220

Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr  
225 230 235 240

Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His  
245 250 255

Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser  
260 265 270

Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg  
275 280 285

Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp  
290 295 300

Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met  
305 310 315 320

Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val  
325 330 335

Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn  
340 345 350

Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met  
355 360 365

Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln  
370 375 380

Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr  
385 390 395 400

Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr  
405 410 415

Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe  
420 425 430

Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala  
435 440 445

<210> 25

<211> 954

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Mortierella alpina

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(954)

&lt;223&gt; Delta-6-Elongase

&lt;400&gt; 25

atg gcc gcc gca atc ttg gac aag gtc aac ttc ggc att gat cag ccc	48
Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro	
1 5 10 15	
ttc gga atc aag ctc gac acc tac ttt gct cag gcc tat gaa ctc gtc	96
Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val	
20 25 30	
acc gga aag tcc atc gac tcc ttc gtc ttc cag gag ggc gtc acg cct	144
Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro	
35 40 45	
ctc tcg acc cag aga gag gtc gcc atg tgg act atc act tac ttc gtc	192
Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val	
50 55 60	
gtc atc ttt ggt ggt cgc cag atc atg aag agc cag gac gcc ttc aag	240
Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys	
65 70 75 80	
ctc aag ccc ctc ttc atc ctc cac aac ttc ctc ctg acg atc gcg tcc	288
Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser	
85 90 95	
gga tcg ctg ttg ctc ctg ttc atc gag aac ctg gtc ccc atc ctc gcc	336
Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala	
100 105 110	
aga aac gga ctt ttc tac gcc atc tgc gac gac ggt gcc tgg acc cag	384
Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln	
115 120 125	

cgc ctc gag ctc ctc tac tac ctc aac tac ctg gtc aag tac tgg gag 432  
 Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu  
 130 135 140

ttg gcc gac acc gtc ttt ttg gtc ctc aag aag aag cct ctt gag ttc 480  
 Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe  
 145 150 155 160

ctg cac tac ttc cac cac tcg atg acc atg gtt ctc tgc ttt gtc cag 528  
 Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln  
 165 170 175

ctt gga gga tac act tca gtg tcc tgg gtc cct att acc ctc aac ttg 576  
 Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu  
 180 185 190

act gtc cac gtc ttc atg tac tac tac tac atg cgc tcc gct gcc ggt 624  
 Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly  
 195 200 205

gtt cgc atc tgg tgg aag cag tac ttg acc act ctc cag atc gtc cag 672  
 Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln  
 210 215 220

ttc gtt ctt gac ctc gga ttc atc tac ttc tgc gcc tac acc tac ttc 720  
 Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe  
 225 230 235 240

gcc ttc acc tac ttc ccc tgg gct ccc aac gtc ggc aag tgc gcc ggt 768  
 Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly  
 245 250 255

acc gag ggt gct gct ctc ttt ggc tgc gga ctc ctc tcc agc tat ctc 816  
 Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu  
 260 265 270

ttg ctc ttt atc aac ttc tac cgc att acc tac aat gcc aag gcc aag 864  
 Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys  
 275 280 285

gca gcc aag gag cgt gga agc aac ttt acc ccc aag act gtc aag tcc 912  
Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser  
290 295 300

ggc gga tcg ccc aag aag ccc tcc aag agc aag cac atc taa 954  
Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile  
305 310 315

<210> 26

<211> 317

<212> PRT

<213> *Mortierella alpina*

<400> 26

Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro  
1 5 10 15

Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val  
20 25 30

Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro  
35 40 45

Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val  
50 55 60

Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys  
65 70 75 80

Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser  
85 90 95

Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala  
100 105 110

Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln  
115 120 125

Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu  
130 135 140

Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe  
145 150 155 160

Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln  
165 170 175

Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu  
180 185 190

Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly  
195 200 205

Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln  
210 215 220

Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe  
225 230 235 240

Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly  
245 250 255

Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu  
260 265 270

Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys  
275 280 285

Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser  
290 295 300

Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile  
305 310 315

&lt;210&gt; 27

&lt;211&gt; 1320

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Thraustochytrium

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(1320)

&lt;223&gt; Delta-5-Desaturase

&lt;400&gt; 27

atg ggc aag ggc agc gag ggc cgc agc gcg gcg cgc gag atg acg gcc	48
Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala	
1 5 10 15	
 gag gcg aac ggc gac aag cgg aaa acg att ctg atc gag ggc gtc ctg	96
Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu	
20 25 30	
 tac gac gcg acg aac ttt aag cac ccg ggc ggt tcg atc atc aac ttc	144
Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe	
35 40 45	
 ttg acc gag ggc gag gcc ggc gtg gac gcg acg cag gcg tac cgc gag	192
Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu	
50 55 60	
 ttt cat cag cgg tcc ggc aag gcc gac aag tac ctc aag tcg ctg ccg	240
Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro	
65 70 75 80	
 aag ctg gat gcg tcc aag gtg gag tcg cgg ttc tcg gcc aaa gag cag	288
Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln	
85 90 95	
 gcg cgg cgc gac gcc atg acg cgc gac tac gcg gcc ttt cgc gag gag	336
Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu	
100 105 110	
 ctc gtc gcc gag ggg tac ttt gac ccg tcg atc ccg cac atg att tac	384
Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr	
115 120 125	

cgc gtc gtg gag atc gtg gcg ctc ttc gcg ctc tcg ttc tgg ctc atg	432
Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met	
130 135 140	
tcc aag gcc tcg ccc acc tcg ctc gtg ctg ggc gtg gtg atg aac ggc	480
Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly	
145 150 155 160	
att gcg cag ggc cgc tgc ggc tgg gtc atg cac gag atg ggc cac ggg	528
Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly	
165 170 175	
tcg ttc acg ggc gtc atc tgg ctc gac gac cgg atg tgc gag ttc ttc	576
Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe	
180 185 190	
tac ggc gtc ggc tgc ggc atg agc ggg cac tac tgg aag aac cag cac	624
Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His	
195 200 205	
agc aag cac cac gcc gcg ccc aac cgc ctc gag cac gat gtc gat ctc	672
Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu	
210 215 220	
aac acg ctg ccc ctg gtc gcc ttt aac gag cgc gtc gtg cgc aag gtc	720
Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val	
225 230 235 240	
aag ccg gga tcg ctg ctg gcg ctc tgg ctg cgc gtg cag gcg tac ctc	768
Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu	
245 250 255	
ttt gcg ccc gtc tcg tgc ctg ctc atc ggc ctt ggc tgg acg ctc tac	816
Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr	
260 265 270	
ctg cac ccg cgc tac atg ctg cgc acc aag cgg cac atg gag ttc gtc	864
Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val	
275 280 285	



tgg atc ttc gcg cgc tac att ggc tgg ttc tcg ctc atg ggc gct ctc	912
Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu	
290 295 300	
ggc tac tcg ccg ggc acc tcg gtc ggg atg tac ctg tgc tcg ttc ggc	960
Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly	
305 310 315 320	
ctc ggc tgc att tac att ttc ctg cag ttc gcc gtc agc cac acg cac	1008
Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His	
325 330 335	
ctg ccg gtg acc aac ccg gag gac cag ctg cac tgg ctc gag tac gcg	1056
Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala	
340 345 350	
gcc gac cac acg gtg aac att agc acc aag tcc tgg ctc gtc acg tgg	1104
Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp	
355 360 365	
tgg atg tcg aac ctg aac ttt cag atc gag cac cac ctc ttc ccc acg	1152
Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr	
370 375 380	
gcg ccg cag ttc cgc ttc aag gaa atc agt cct cgc gtc gag gcc ctc	1200
Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu	
385 390 395 400	
ttc aag cgc cac aac ctc ccg tac tac gac ctg ccc tac acg agc gcg	1248
Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala	
405 410 415	
gtc tcg acc acc ttt gcc aat ctt tat tcc gtc ggc cac tcg gtc ggc	1296
Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly	
420 425 430	
gcc gac acc aag aag cag gac tga	1320
Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp	
435 440	

&lt;210&gt; 28

&lt;211&gt; 439

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Thraustochytrium

&lt;400&gt; 28

Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala  
1 5 10 15

Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu  
20 25 30

Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe  
35 40 45

Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu  
50 55 60

Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro  
65 70 75 80

Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln  
85 90 95

Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu  
100 105 110

Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr  
115 120 125

Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met  
130 135 140

Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly  
145 150 155 160

Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly  
165 170 175

Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe  
 180 185 190

Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His  
 195 200 205

Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu  
 210 215 220

Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val  
 225 230 235 240

Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu  
 245 250 255

Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr  
 260 265 270

Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val  
 275 280 285

Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu  
 290 295 300

Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly  
 305 310 315 320

Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His  
 325 330 335

Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala  
 340 345 350

Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp  
 355 360 365

Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr  
 370 375 380

Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu

385

390

395

400

Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala  
 405 410 415

Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly  
 420 425 430

Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp  
 435

&lt;210&gt; 29

&lt;211&gt; 957

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Mortierella alpina

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(957)

&lt;223&gt; Delta-6-Elongase

&lt;400&gt; 29

atg gag tcg att gcg cca ttc ctc cca tca aag atg ccg caa gat ctg 48  
 Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu  
 1 5 10 15

ttt atg gac ctt gcc acc gct atc ggt gtc cgg gcc gcg ccc tat gtc 96  
 Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val  
 20 25 30

gat cct ctc gag gcc gcg ctg gtg gcc cag gcc gag aag tac atc ccc 144  
 Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro  
 35 40 45

acg att gtc cat cac acg cgt ggg ttc ctg gtc gcg gtg gag tcg cct 192  
 Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro  
 50 55 60

ttg gcc cgt gag ctg ccg ttg atg aac ccg ttc cac gtg ctg ttg atc 240

Leu	Ala	Arg	Glu	Leu	Pro	Leu	Met	Asn	Pro	Phe	His	Val	Leu	Leu	Ile	
65					70					75					80	
gtg	ctc	gct	tat	ttg	gtc	acg	gtc	ttt	gtg	ggc	atg	cag	atc	atg	aag	288
Val	Leu	Ala	Tyr	Leu	Val	Thr	Val	Phe	Val	Gly	Met	Gln	Ile	Met	Lys	
				85					90					95		
aac	ttt	gag	cgg	ttc	gag	gtc	aag	acg	ttt	tcg	ctc	ctg	cac	aac	ttt	336
Asn	Phe	Glu	Arg	Phe	Glu	Val	Lys	Thr	Phe	Ser	Leu	Leu	His	Asn	Phe	
				100				105						110		
tgt	ctg	gtc	tcg	atc	agc	gcc	tac	atg	tgc	ggg	ggg	atc	ctg	tac	gag	384
Cys	Leu	Val	Ser	Ile	Ser	Ala	Tyr	Met	Cys	Gly	Gly	Ile	Leu	Tyr	Glu	
				115				120					125			
gct	tat	cag	gcc	aac	tat	gga	ctg	ttt	gag	aac	gct	gct	gat	cat	acc	432
Ala	Tyr	Gln	Ala	Asn	Tyr	Gly	Leu	Phe	Glu	Asn	Ala	Ala	Asp	His	Thr	
				130				135						140		
ttc	aag	ggg	ctt	cct	atg	gcc	aag	atg	atc	tgg	ctc	ttc	tac	ttc	tcc	480
Phe	Lys	Gly	Leu	Pro	Met	Ala	Lys	Met	Ile	Trp	Leu	Phe	Tyr	Phe	Ser	
145							150					155			160	
aag	atc	atg	gag	ttt	gtc	gac	acc	atg	atc	atg	gtc	ctc	aag	aag	aac	528
Lys	Ile	Met	Glu	Phe	Val	Asp	Thr	Met	Ile	Met	Val	Leu	Lys	Lys	Asn	
				165						170				175		
aac	cgc	cag	atc	tcc	ttc	ttg	cac	gtt	tac	cac	cac	agc	tcc	atc	ttc	576
Asn	Arg	Gln	Ile	Ser	Phe	Leu	His	Val	Tyr	His	His	Ser	Ser	Ile	Phe	
				180						185				190		
acc	atc	tgg	tgg	ttg	gtc	acc	ttt	gtt	gca	ccc	aac	ggg	gaa	gcc	tac	624
Thr	Ile	Trp	Trp	Leu	Val	Thr	Phe	Val	Ala	Pro	Asn	Gly	Glu	Ala	Tyr	
				195					200					205		
ttc	tct	gct	gcg	ttg	aac	tcg	ttc	atc	cat	gtg	atc	atg	tac	ggc	tac	672
Phe	Ser	Ala	Ala	Leu	Asn	Ser	Phe	Ile	His	Val	Ile	Met	Tyr	Gly	Tyr	
				210					215					220		
tac	ttc	ttg	tcg	gcc	ttg	ggc	ttc	aag	cag	gtg	tcg	ttc	atc	aag	ttc	720

Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe  
 225 230 235 240  
  
 tac atc acg cgc tcg cag atg aca cag ttc tgc atg atg tcg gtc cag 768  
 Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln  
 245 250 255  
  
 tct tcc tgg gac atg tac gcc atg aag gtc ctt ggc cgc ccc gga tac 816  
 Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr  
 260 265 270  
  
 ccc ttc ttc atc acg gct ctg ctt tgg ttc tac atg tgg acc atg ctc 864  
 Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu  
 275 280 285  
  
 ggt ctc ttc tac aac ttt tac aga aag aac gcc aag ttg gcc aag cag 912  
 Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln  
 290 295 300  
  
 gcc aag gcc gac gct gcc aag gag aag gca agg aag ttg cag taa 957  
 Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln  
 305 310 315

&lt;210&gt; 30

&lt;211&gt; 318

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Mortierella alpina

&lt;400&gt; 30

Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu  
 1 5 10 15

Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val  
 20 25 30

Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro  
 35 40 45

Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro

50	55	60
Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile		
65	70	75 80
Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys		
	85	90 95
Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe		
	100	105 110
Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu		
	115	120 125
Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr		
	130	135 140
Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser		
145	150	155 160
Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn		
	165	170 175
Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe		
	180	185 190
Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr		
	195	200 205
Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr		
	210	215 220
Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe		
225	230	235 240
Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln		
	245	250 255
Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr		
	260	265 270

Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu  
 275 280 285

Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln  
 290 295 300

Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln  
 305 310 315

<210> 31

<211> 1374

<212> DNA

<213> Mortierella alpina

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1374)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 31

atg gct gct gct ccc agt gtg agg acg ttt act cgg gcc gag gtt ttg 48  
 Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Val Leu  
 1 5 10 15

aat gcc gag gct ctg aat gag ggc aag aag gat gcc gag gca ccc ttc 96  
 Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe  
 20 25 30

ttg atg atc atc gac aac aag gtg tac gat gtt cgc gag ttc gtc cct 144  
 Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro  
 35 40 45

gat cat ccc ggt gga agt gtg att ctc acg cac gtt ggc aag gac ggc 192  
 Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly  
 50 55 60

act gac gtc ttt gac act ttt cac ccc gag gct gct tgg gag act ctt 240  
 Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu



65	70	75	80	
gcc aac ttt tac gtt ggt gat att gac gag agc gac cgc gat atc aag				288
Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Asp Ile Lys				
	85	90	95	
aat gat gac ttt gcg gcc gag gtc cgc aag ctg cgt acc ttg ttc cag				336
Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln				
	100	105	110	
tct ctt ggt tac tac gat tct tcc aag gca tac tac gcc ttc aag gtc				384
Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val				
	115	120	125	
tcg ttc aac ctc tgc atc tgg ggt ttg tcg acg gtc att gtg gcc aag				432
Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Val Ile Val Ala Lys				
	130	135	140	
tgg ggc cag acc tcg acc ctc gcc aac gtg ctc tcg gct gcg ctt ttg				480
Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu				
	145	150	155	160
ggt ctg ttc tgg cag cag tgc gga tgg ttg gct cac gac ttt ttg cat				528
Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His				
	165	170	175	
cac cag gtc ttc cag gac cgt ttc tgg ggt gat ctt ttc ggc gcc ttc				576
His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe				
	180	185	190	
ttg gga ggt gtc tgc cag ggc ttc tcg tcc tcg tgg tgg aag gac aag				624
Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys				
	195	200	205	
cac aac act cac cac gcc gcc ccc aac gtc cac ggc gag gat ccc gac				672
His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp				
	210	215	220	
att gac acc cac cct ctg ttg acc tgg agt gag cat gcg ttg gag atg				720
Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met				

225	230	235	240	
ttc tcg gat gtc cca gat gag gag ctg acc cgc atg tgg tcg cgt ttc				768
Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe				
	245	250	255	
atg gtc ctg aac cag acc tgg ttt tac ttc ccc att ctc tcg ttt gcc				816
Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala				
	260	265	270	
cgt ctc tcc tgg tgc ctc cag tcc att ctc ttt gtg ctg cct aac ggt				864
Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn Gly				
	275	280	285	
cag gcc cac aag ccc tcg ggc gcg cgt gtg ccc atc tcg ttg gtc gag				912
Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu				
	290	295	300	
cag ctg tcg ctt gcg atg cac tgg acc tgg tac ctc gcc acc atg ttc				960
Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe				
305	310	315	320	
ctg ttc atc aag gat ccc gtc aac atg ctg gtg tac ttt ttg gtg tcg				1008
Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Leu Val Tyr Phe Leu Val Ser				
	325	330	335	
cag gcg gtg tgc gga aac ttg ttg gcg atc gtg ttc tcg ctc aac cac				1056
Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His				
	340	345	350	
aac ggt atg cct gtg atc tcg aag gag gag gcg gtc gat atg gat ttc				1104
Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe				
	355	360	365	
ttc acg aag cag atc atc acg ggt cgt gat gtc cac ccg ggt cta ttt				1152
Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe				
	370	375	380	
gcc aac tgg ttc acg ggt gga ttg aac tat cag atc gag cac cac ttg				1200
Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu				

385

390

395

400

ttc cct tcg atg cct cgc cac aac ttt tca aag atc cag cct gct gtc 1248  
Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val

405

410

415

gag acc ctg tgc aaa aag tac aat gtc cga tac cac acc acc ggt atg 1296  
Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Asn Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met

420

425

430

atc gag gga act gca gag gtc ttt agc cgt ctg aac gag gtc tcc aag 1344  
Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys

435

440

445

gct gcc tcc aag atg ggt aag gcg cag taa 1374  
Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln

450

455

&lt;210&gt; 32

&lt;211&gt; 457

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Mortierella alpina

&lt;400&gt; 32

Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Val Leu

1

5

10

15

Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe

20

25

30

Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro

35

40

45

Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly

50

55

60

Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu

65

70

75

80

Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Asp Ile Lys  
85 90 95

Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln  
100 105 110

Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val  
115 120 125

Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Val Ile Val Ala Lys  
130 135 140

Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu  
145 150 155 160

Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His  
165 170 175

His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe  
180 185 190

Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys  
195 200 205

His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp  
210 215 220

Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met  
225 230 235 240

Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe  
245 250 255

Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala  
260 265 270

Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn Gly  
275 280 285

Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu

290	295	300
Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe 305	310	315 320
Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Leu Val Tyr Phe Leu Val Ser 325	330	335
Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His 340	345	350
Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe 355	360	365
Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe 370	375	380
Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu 385	390	395 400
Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val 405	410	415
Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Asn Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met 420	425	430
Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys 435	440	445
Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln 450	455	

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor  
pUC19 dar

<400> 33

tgcgcgcttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60  
cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120  
ttggcgggtg tcggggctgg cttactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180  
accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240  
attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcgggccc tcttcgctat 300  
tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360  
tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccc agctcctega 420  
gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta attgtttttt gttttactat 480  
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatattg gtactaaatt tataacacct 540  
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa ttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600  
tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatattc 660  
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttaattgtt 720  
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780  
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaagggttag taatttttca 840  
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgccc tgtggaaagt 900  
ttaaaaaatat ttggaatg atttgcatgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960  
ggaggatgca ataataaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020  
atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080

taattttcttc atagccagcc caccgcggtg ggcggccgcc tgcagtctag aaggcctcct 1140  
gctttaatga gatatgcgag acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt 1200  
gcacgttgta aaaaacctga gcatgtgtag ctacagatcct taccgccggt ttcggttcat 1260  
tctaataaat atatcaccgc ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt 1320  
tactgattgt ccgtcgacga attcgagctc ggcgcgcaa gcttggcgta atcatgggtca 1380  
tagctgtttc ctgtgtgaaa ttgttatccg ctacacaattc cacacaacat acgagccgga 1440  
agcataaagt gtaaagcctg ggggtgcctaa tgagtgcgct aactcacatt aattgcgttg 1500  
cgctcactgc ccgctttcca gtcgggaaac ctgtcgtgcc agctgcatta atgaatcggc 1560  
caacgcgcgg ggagaggcgg tttgcgtatt gggcgctctt ccgcttctc gctcactgac 1620  
tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa ggcggtaata 1680  
cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaa aggccagcaa 1740  
aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct ccgccccct 1800  
gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac aggactataa 1860  
agataaccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgcgct ctctgttcc gaccctgccg 1920  
cttaccggat acctgtccgc cttctctcct tcgggaagcg tggcgcttc tcatagctca 1980  
cgctgtaggt atctcagttc ggtgtaggtc gttcgtcca agctgggctg tgtgcacgaa 2040  
cccccgctc agcccgaccg ctgcgcctta tccggttaact atcgtcttga gtccaacccg 2100  
gtaagacacg acttatcgcc actggcagca gccactggta acaggattag cagagcgagg 2160  
tatgtaggcg gtgctacaga gttcttgaag tgggtggcta actacggcta cactagaagg 2220  
acagtatttg gtatctgcgc tctgctgaag ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc 2280

tcttgatccg gcaaacaac caccgctggt agcgggtggt tttttgtttg caagcagcag 2340  
attacgcgca gaaaaaaagg atctcaagaa gatcctttga tcttttctac ggggtctgac 2400  
gctcagtgga acgaaaactc acgttaaggg attttgggtca tgagattatc aaaaaggatc 2460  
ttcacctaga tcctttttaa ttaaaaatga agtttttaaat caatctaaag tatatatgag 2520  
taaacttggt ctgacagtta ccaatgctta atcagtgagg cacctatctc agcgatctgt 2580  
ctatttcggt catccatagt tgctgactc cccgtcgtgt agataactac gatacgggag 2640  
ggcttaccat ctggccccag tgctgcaatg ataccgcgag acccacgctc accgggtcca 2700  
gatttatcag caataaacca gccagccgga agggccgagc gcagaagtgg tcctgcaact 2760  
ttatccgct ccatccagtc tattaattgt tgccgggaag ctagagtaag tagttcgcca 2820  
gttaatagtt tgcgcaacgt tgttgccatt gctacaggca tcgtggtgtc acgctcgtcg 2880  
tttggtatgg cttcattcag ctccggttcc caacgatcaa ggcgagttac atgatcccc 2940  
atgttgtgca aaaaagcgggt tagctccttc ggtcctccga tcgttgtcag aagtaagttg 3000  
gccgcagtgt tatcactcat gggtatggca gcaactgcata attctcttac tgtcatgcca 3060  
tccgtaagat gcttttctgt gactggtgag tactcaacca agtcattctg agaatagtgt 3120  
atgcggcgac cgagttgctc ttgcccggcg tcaatacggg ataataccgc gccacatagc 3180  
agaactttaa aagtgtcat cattggaaaa cgttcttcgg ggcgaaaact ctcaaggatc 3240  
ttaccgctgt tgagatccag ttcgatgtaa cccactcgtg cacccaactg atcttcagca 3300  
tcttttactt tcaccagcgt ttctgggtga gcaaaaacag gaaggcaaaa tgccgcaaaa 3360  
aagggaataa gggcgacacg gaaatgttga atactcatal tcttcctttt tcaatattat 3420  
tgaagcattt atcagggtta ttgtctcatg agcggataca tatttgaatg tatttagaaa 3480



aataaacaaa taggggttcc gcgcacattt ccccgaaaag tgccacctga cgtctaagaa 3540

accattatta tcatgacatt aacctataaa aataggcgta tcacgaggcc ctttcgtc 3598

<210> 34

<211> 3590

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche  
Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor  
pUC19 dar

<400> 34

tcgcgcgttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60

cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120

ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180

accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240

attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcggggc tcttcgctat 300

tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360

tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccg agtcctcga 420

gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480

gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatattg gtactaaatt tataacacct 540

tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600

tttttgctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatttc 660

tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttttaattgtt 720

gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780  
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggtttag taatttttca 840  
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc tgtggaaagt 900  
ttaaaaatat tttggaaatg atttgcattg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960  
ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020  
atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080  
taattttctc atagccagcg gatccgatat cgggcccgct agcgtaacc ctgctttaat 1140  
gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1200  
taaaaaacct gagcatgtgt agtcagatc cttaccgccc gtttcgggtc attctaataga 1260  
atataatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa tttactgatt 1320  
gtccgtcgac gaattcgagc tcggcgcgcc aagcttgggc taatcatggt catagctgtt 1380  
tcctgtgtga aattgttatc cgctcacaat tccacacaac atacgagccg gaagcataaa 1440  
gtgtaaagcc tggggtgcct aatgagtgag ctaactcaca ttaattgcgt tgcgctcact 1500  
gcccgtttc cagtcgggaa acctgtcgtg ccagctgcat taatgaatcg gccaacgcgc 1560  
ggggagagggc ggtttgcgta ttgggcgctc ttccgcttcc tcgctcactg actcgctgcg 1620  
ctcggtcggtt cggctgcggc gagcggatc agctcactca aaggcggtta tacggttatc 1680  
cacagaatca ggggataacg caggaaagaa catgtgagca aaaggccagc aaaaggccag 1740  
gaaccgtaaa aaggccgcgt tgctggcggt tttccatagg ctccgcccc ctgacgagca 1800  
tcacaaaaat cgacgtcaa gtcagaggtg gcgaaaccg acaggactat aaagatacca 1860  
ggcgtttccc cctggaagct cctcgtgcg ctctcctgtt ccgaccctgc cgcttaccgg 1920

atacctgtcc gcctttctcc cttcgggaag cgtggcgctt tctcatagct cagctgttag 1980  
gtatctcagt tcggtgtagg tcgttcgctc caagctgggc tgtgtgcacg aacccccct 2040  
tcagccccgac cgctgcgcct tatccggtaa ctatcgtctt gagtccaacc cggtaagaca 2100  
cgacttatcg ccactggcag cagccactgg taacaggatt agcagagcga ggtatgtagg 2160  
cgggtgctaca gagttcttga agtgggtggc taactacggc tacactagaa ggacagtatt 2220  
tggtatctgc gctctgctga agccagttac cttcggaaaa agagttggta gctcttgatc 2280  
cggcaaacia accaccgctg gtagcgggtg tttttttgtt tgcaagcagc agattacgcg 2340  
cagaaaaaaaa ggatctcaag aagatccttt gatcttttct acgggggtctg acgctcagtg 2400  
gaacgaaaac tcacgttaag ggatttttgt catgagatta tcaaaaagga tcttcaccta 2460  
gatcctttta aattaaat gaagtttta atcaatctaa agtatatatg agtaaacttg 2520  
gtctgacagt taccaatgct taatcagtga ggcacctatc tcagcgatct gtctatttcg 2580  
ttcatccata gttgcctgac tccccgtcgt gtagataact acgatacggg agggcttacc 2640  
atctggcccc agtgctgcaa tgataccgcg agaccacgc tcaccggctc cagatttatt 2700  
agcaataaac cagccagccg gaagggccga gcgcagaagt ggtcctgcaa ctttatccgc 2760  
ctccatccag tctattaatt gttgccggga agctagagta agtagttcgc cagttaatag 2820  
tttgcgcaac gttgttgcca ttgctacagg catcgtgggtg tcacgctcgt cgtttggtat 2880  
ggcttcattc agctccggtt cccaacgatc aaggcgagtt acatgatccc ccatgttgtg 2940  
caaaaaagcg gttagctcct tcggctcctc gatcgttgctc agaagtaagt tggccgcagt 3000  
gttatcactc atgggttatgg cagcactgca taattctctt actgtcatgc catccgtaag 3060  
atgcttttct gtgactggtg agtactcaac caagtcattc tgagaatagt gtatgcggcg 3120

accgagttgc tcttgcccgg cgtcaatacg ggataatacc gcgccacata gcagaacttt 3180  
aaaagtgctc atcattggaa aacgtttctc ggggcgaaaa ctctcaagga tcttaccgct 3240  
gttgagatcc agttcgatgt aaccactcg tgcaccaac tgatcttcag catcttttac 3300  
tttcaccagc gtttctgggt gagcaaaaac aggaaggcaa aatgccgcaa aaaagggaat 3360  
aaggcgaca cggaaatggt gaatactcat actcttcctt tttcaatatt attgaagcat 3420  
ttatcagggt tattgtctca tgagcggata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca 3480  
aataggggtt ccgcgcacat ttccccgaaa agtgccacct gacgtctaag aaaccattat 3540  
tatcatgaca ttaacctata aaaataggcg tatcacgagg ccctttcgtc 3590

<210> 35

<211> 3584

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor

pUC19 dar

<400> 35

tcgcgcgttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60  
cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120  
ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180  
accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240  
attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aaggcgatc ggtgcgggcc tcttcgctat 300  
tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360

tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccg agctcctcga 420  
gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480  
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatttg gtactaaatt tataacacct 540  
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600  
tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatttc 660  
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttttaattgtt 720  
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780  
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggtttag taatttttca 840  
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc c tgtggaaagt 900  
ttaaaaatat tttggaaatg atttgcatgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960  
ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa tttacatgca actagttatg catgtagtct 1020  
atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080  
taattttctt atagccagca gatctgccgg catcgatccc gggccatggc ctgctttaat 1140  
gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1200  
taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccg gtttcggttc attctaata 1260  
atatatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa tttactgatt 1320  
gtccgtcgac gagctcggcg cgccaagctt ggcgtaatca tggatcatagc tgtttctgt 1380  
gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa 1440  
agcctggggg gcctaataag tgagctaact cacattaatt gcgttgcgct cactgcccgc 1500  
tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga atcggccaac gcgcggggag 1560

aggcggtttg cgtattgggc gctcttcgc ttctcgcctc actgactcgc tgcgctcgg 1620  
cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggg tatccacaga 1680  
atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg 1740  
taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctcgc cccctgacg agcatcacia 1800  
aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accaggcgtt 1860  
tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttcgacc ctgccgctta cgggatacct 1920  
gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct 1980  
cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc cgttcagcc 2040  
cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtc aaccggtaa gacacgactt 2100  
atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcggtgc 2160  
tacagagttc ttgaagtggg ggcctaacta cggctacact agaaggacag tatttggtat 2220  
ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa 2280  
acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt tgttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa 2340  
aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga 2400  
aaactcacgt taagggattt tggctcatgag attatcaaaa aggatcttca cctagatcct 2460  
tttaaattaa aatgaagtt ttaaataaat ctaaagtata tatgagtaaa cttggtctga 2520  
cagttaccaaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcac 2580  
catagttgcc tgactccccg tcgtgtagat aactacgata cgggagggct taccatctgg 2640  
cccagtgct gcaatgatac cgcgagaccc acgtcacgc gctccagatt tatcagcaat 2700  
aaaccagcca gccggaaggg ccgagcgcag aagtgtcct gcaactttat ccgcctccat 2760

ccagtctatt aattgttgcc gggaagctag agtaagtagt tcgccagtta atagtttgcg 2820  
caacgttggt gccattgcta caggcatcgt ggtgtcacgc tcgtcgtttg gtatggcttc 2880  
attcagctcc ggttcccaac gatcaaggcg agttacatga tcccccatgt tgtgcaaaaa 2940  
agcggtttagc tccttcggtc ctccgatcgt tgtcagaagt aagttggccg cagtgttatc 3000  
actcatgggt atggcagcac tgcataattc tcttactgtc atgccatccg taagatgctt 3060  
ttctgtgact ggtgagtact caaccaagtc attctgagaa tagtgtatgc ggcgaccgag 3120  
ttgctcttgc ccggcgtaa tacgggataa taccgcgcca catagcagaa ctttaaaagt 3180  
gctcatcatt ggaaaacgtt cttcggggcg aaaactctca aggatcttac cgctgttgag 3240  
atccagttcg atgtaacca ctcgtgcacc caactgatct tcagcatctt ttactttcac 3300  
cagcgtttct gggtgagcaa aacaggaag gcaaaatgcc gcaaaaaagg gaataagggc 3360  
gacacggaaa tggtgaatac tcatactctt ctttttcaa tattattgaa gcatttatca 3420  
gggttattgt ctcatgagcg gatacatatt tgaatgtatt tagaaaaata aacaaatagg 3480  
ggttccgcgc acatttcccc gaaaagtgcc acctgacgtc taagaaacca ttattatcat 3540  
gacattaacc tataaaaata ggcgtatcac gaggccttt cgtc 3584

<210> 36

<211> 4507

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor

pUC19 dar

<400> 36

tcgcgcgttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60  
cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120  
ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180  
accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240  
attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aaggcgatc ggtgcgggcc tcttcgtat 300  
tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggtg acgccagggt 360  
tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccg agtcctcga 420  
gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480  
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatattg gtactaaatt tataacacct 540  
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa ttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600  
tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatctc 660  
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttaattggtt 720  
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780  
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggtttag taatttttca 840  
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc tgtggaaagt 900  
ttaaaaatat ttgggaaatg atttgcatgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960  
ggaggatgca ataatagaaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020  
atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080  
taatttcttc atagccagcc caccgcggtg ggcggccgcc tgcagtctag aaggcctcct 1140  
gctttaatga gatatgcgag acgcctatga tcgcatgata ttgctttca attctgttgt 1200



gcacgttgta aaaaacctga gcatgtgtag ctacagatcct taccgccggt ttcggttcatt 1260  
tctaataaat atatcacccg ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt 1320  
tactgattgt ccgtcgagca aatttacaca ttgccactaa acgtctaaac ctttgtaatt 1380  
tgtttttggt ttactatgtg tgttatgtat ttgatttgcg ataaattttt atatttggt 1440  
ctaaatttat aacacctttt atgctaactg ttgccaacac ttagcaattt gcaagttgat 1500  
taattgattc taaattattt ttgtcttcta aatacatata ctaatcaact ggaaatgtaa 1560  
atatttgcta atatttctac tataggagaa ttaaagtgag tgaatatggt accacaaggt 1620  
ttggagattt aattgttgca atgctgcatg gatggcatat acaccaaaca ttcaataatt 1680  
cttgaggata ataatggtac cacacaagat ttgaggtgca tgaacgtcac gtggacaaaa 1740  
ggtttagtaa tttttcaaga caacaatgtt accacacaca agttttgagg tgcattcatg 1800  
gatgccctgt ggaaagttaa aaaatatttt ggaaatgatt tgcattggaag ccatgtgtaa 1860  
aaccatgaca tccacttgga ggatgcaata atgaagaaaa ctacaaattt acatgcaact 1920  
agttatgcat gtagtctata taatgaggat ttgcaatac ttcatattcat acacactcac 1980  
taagttttac acgattataa tttcttcata gccagcggat ccgatatcgg gcccgctagc 2040  
gttaaccctg ctttaattgag atatgcgaga cgcctatgat cgcattgatat ttgctttcaa 2100  
ttctgttggt cacgttgtaa aaaacctgag catgtgtagc tcagatcctt accgccggtt 2160  
tcggttcatt ctaataaata tatcacccgt tactatcgta tttttatgaa taatattctc 2220  
cgttcaattt actgattgtc cgtcgacgaa ttcgagctcg gcgcgccaag cttggcgtaa 2280  
tcattggtcat agctgtttcc tgtgtgaaat tgttatccgc tcacaattcc acacaacata 2340  
cgagccggaa gcataaagtg taaagcctgg ggtgcctaata gagtgagcta actcacatta 2400

attgcgttgc gctcactgcc cgctttccag tcgggaaacc tgcctggcca gctgcattaa 2460  
tgaatcggcc aacgcgcggg gagaggcggg ttgcgtattg ggcgtcttc cgcttcctcg 2520  
ctcactgact cgctgcgctc ggctgttcgg ctgcggcgag cggatcagc tcaactcaaag 2580  
gcggttaatac gggtatccac agaatacagg gataacgcag gaaagaacat gtgagcaaaa 2640  
ggccagcaaa aggccaggaa ccgtaaaaag gccgcgttgc tggcgttttt ccataggctc 2700  
cgccccctg acgagcatca caaaaatcga cgctcaagtc agagggtggcg aaacccgaca 2760  
ggactataaa gataccaggc gtttccccct ggaagctccc tcgtgcgctc tcctgttcg 2820  
accctgcgc ttaccggata cctgtccgcc tttctccctt cgggaagcgt ggcgtttct 2880  
catagctcac gctgtaggta tctcagttcg gtgtaggtcg ttcgctcaa gctgggctgt 2940  
gtgcacgaac ccccggttca gcccgaccgc tgcgccttat ccggttaacta tcgtcttgag 3000  
tccaacccgg taagacacga cttatcgcca ctggcagcag cactggtaa caggattagc 3060  
agagcgaggt atgtaggcgg tgctacagag ttcttgaagt ggtggcctaa ctacggctac 3120  
actagaagga cagtatttgg tatctgcgt ctgctgaagc cagttacct cgaaaaaga 3180  
gttggttagct cttgatccgg caaacaacc accgctggta gcggtgggtt tttgtttgc 3240  
aagcagcaga ttacgcgcag aaaaaaagga tctcaagaag atcctttgat cttttctacg 3300  
gggtctgacg ctcaagtggaa cgaaaactca cgttaaggga ttttggcat gagattatca 3360  
aaaaggatct tcacctagat ccttttaaata taaaaatgaa gttttaaatc aatctaaagt 3420  
atatatgagt aaacttggtc tgacagttac caatgcttaa tcagtgaggc acctatctca 3480  
gcgatctgtc tatttcgttc atccatagtt gcctgactcc ccgtcgtgta gataactacg 3540  
atacgggagg gcttaccatc tggccccagt gctgcaatga taccgcgaga cccacgctca 3600

ccggctccag atttatcagc aataaaccag ccagccggaa gggccgagcg cagaagtggc 3660  
cctgcaactt tatccgcctc catccagtct attaattgtt gccgggaagc tagagtaagt 3720  
agttcgccag ttaatagttt gcgcaacgtt gttgccattg ctacaggcat cgtgggtgtca 3780  
cgctcgctgt ttggtatggc ttcattcagc tccggttccc aacgatcaag gcgagttaca 3840  
tgatccccc a tgttgtgcaa aaaagcgggt agctccttcg gtcctccgat cgttgtcaga 3900  
agtaagttgg ccgcagtgtt atcactcatg gttatggcag cactgcataa ttctcttact 3960  
gtcatgccat ccgtaagatg cttttctgtg actggtgagt actcaaccaa gtcattctga 4020  
gaatagtgt a tgcggcgacc gagttgctct tgcccggcgt caatacggga taataccgcg 4080  
ccacatagca gaactttaaa agtgctcatc attggaaaac gttcttcggg gcgaaaactc 4140  
tcaaggatct taccgctgtt gagatccagt tcgatgtaac cactcgtgc acccaactga 4200  
tcttcagcat cttttacttt caccagcgtt tctgggtgag caaaaacagg aaggcaaaat 4260  
gccgcaaaaa agggaataag ggcgacacgg aaatggtgaa tactcatact cttccttttt 4320  
caatattatt gaagcattta tcagggttat tgtctcatga gcggatacat atttgaatgt 4380  
atttagaaaa ataaacaaat aggggttccg cgcacatttc cccgaaaagt gccacctgac 4440  
gtctaagaaa ccattattat catgacatta acctataaaa ataggcgtat cagcaggccc 4500  
  
tttcgtc 4507

&lt;210&gt; 37

&lt;211&gt; 5410

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Unknown

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; Sequenz stellt eine pflanzliche

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor  
pUC19 dar

<400> 37

ttttggaaat gatttgcattg gaagccattg gtaaaaccat gacatccact tggaggattg 60  
aataatgaag aaaactacaa atttaccatg aactagttat gcatgtagtc tatataatga 120  
ggatttttgca atactttcat tcatacacac tctaactggt ttacacgatt ataattttctt 180  
catagccagc ggatccgata tcgggcccgc tagcgttaac cctgctttaa tgagatatgc 240  
gagacgccta tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacggt gtaaaaaacc 300  
tgagcatgtg tagctcagat ccttaccgcc ggtttcgggt cattctaatt aatatatcac 360  
ccgttactat cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga 420  
gcaaattttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480  
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatttg gtactaaatt tataaacact 540  
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa ttgcaaggt gattaattga ttctaaatta 600  
tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatctc 660  
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttaattgtt 720  
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780  
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaagggttag taatttttca 840  
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc tgtggaaagt 900  
ttaaaaaatat tttggaaatg atttgcattg aagccattgt taaaaccatg acatccactt 960  
ggaggatgca ataataga aaactacaaa ttaccatgca actagttatg catgtagtct 1020  
atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080

taatttcttc atagccagca gatctgccgg catcgatccc gggccatggc ctgctttaat 1140  
gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctggt gtgcacggtg 1200  
taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccg gtttcgggttc attctaataga 1260  
atatatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccggtcaa tttactgatt 1320  
gtccgctgac gagctcggcg cgccaagctt ggcgtaataca tggatcatagc tggttctgtg 1380  
gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa 1440  
agcctggggg gcctaataag tgagctaact cacattaatt gcgttgcgct cactgcccgc 1500  
tttcagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga atcggccaac gcgcggggag 1560  
aggcggtttg cgtattgggc gctcttcgc ttcctcgctc actgactcgc tgcgctcggt 1620  
cgttcggtg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggg tatccacaga 1680  
atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg 1740  
taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggtccgc cccctgacg agcatcacia 1800  
aatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accaggcggt 1860  
tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tggtccgacc ctgccgetta ccggatacct 1920  
gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct 1980  
cagttcggtg taggtcggtc gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc 2040  
cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc aaccgggtaa gacacgactt 2100  
atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcggtgc 2160  
tacagagttc ttgaagtggg ggcctaacta cggctacact agaaggacag tatttggtat 2220  
ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa 2280

acaaaccacc gctggtagcg gtgggtttttt tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa 2340  
aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga 2400  
aaactcacgt taagggattht tggatcatgag attatcaaaa aggatcttca cctagatcct 2460  
tttaaattaa aaatgaagtt ttaaataaat cttaaagtata tatgagtaaa cttggtctga 2520  
cagttaccaaa tgcttaataca gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcac 2580  
catagttgcc tgactccccg tegtgtagat aactacgata cgggagggct taccatctgg 2640  
cccagtgct gcaatgatac cgcgagaccc acgtcacccg gctccagatt tatcagcaat 2700  
aaaccagcca gccggaaggg ccgagcgcag aagtggctct gcaactttat ccgcctccat 2760  
ccagtctatt aattgttgcc gggaagctag agtaagtagt tgcagctta atagtttgcg 2820  
caacgttggt gccattgcta caggcatcgt ggtgtcacgc tctcgtttg gtatggcttc 2880  
attcagctcc ggttcccaac gatcaaggcg agttacatga tccccatgt tgtgcaaaaa 2940  
agcggttagc tccttcggtc ctccgatcgt tgtcagaagt aagtggccg cagtgttatc 3000  
actcatggtt atggcagcac tgcataattc tcttactgtc atgccatccg taagatgctt 3060  
ttctgtgact ggtgagtact caaccaagtc attctgagaa tagtgtatgc ggcgaccgag 3120  
ttgtctttgc ccggcgtcaa tacgggataa taccgcgcca catagcagaa ctttaaaagt 3180  
gtcatcatt ggaaaacgtt cttcggggcg aaaactctca aggatcttac cgctgttgag 3240  
atccagttcg atgtaacca ctctgtcacc caactgatct tcagcatctt ttactttcac 3300  
cagcgtttct ggggtgagcaa aaacaggaag gcaaaatgcc gcaaaaaagg gaataagggc 3360  
gacacggaaa tgttgaatac tcatactctt cttttttcaa tattattgaa gcatttatca 3420  
gggttattgt ctcatgagcg gatacatatt tgaatgtatt tagaaaaata aacaaatagg 3480

ggttccgcgc acatttcccc gaaaagtgcc acctgacgtc taagaaacca ttattatcat 3540  
gacattaacc tataaaaata ggcgtatcac gaggcccttt cgtctcgcgc gtttcgggtga 3600  
tgacggtgaa aacctctgac acatgcagct cccggagacg gtcacagctt gtctgtaagc 3660  
ggatgccggg agcagacaag cccgtcaggg cgcgtcagcg ggtgttggcg ggtgtcgggg 3720  
ctggcttaac tatgcggcat cagagcagat tgtactgaga gtgcaccata tgcggtgtga 3780  
aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 3840  
gcgcaactgt tgggaagggc gatcgggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 3900  
aggggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg 3960  
ttgtaaaacg acggccagtg aattcggcgc gccgagctcc tcgagcaaatt ttacacattg 4020  
ccactaaacg tctaaaccct tgtaatttgt ttttgtttta ctatgtgtgt tatgtatttg 4080  
atttgcgata aatttttata tttggtacta aatttataac accttttatg ctaacgtttg 4140  
ccaacactta gcaatttgca agttgattaa ttgattctaa attatttttg tcttctaaat 4200  
acatatata atcaactgga aatgtaaata tttgctaata tttctactat aggagaatta 4260  
aagtgagtga atatggtacc acaaggtttg gagatttaatt tgttgcaatg ctgcatggat 4320  
ggcatataca ccaaacattc aataattctt gaggataata atggtaccac acaagatttg 4380  
aggtgcatga acgtcacgtg gacaaaagggt ttagtaattt ttcaagacaa caatggtacc 4440  
acacacaagt tttgaggtgc atgcatggat gccctgtgga aagtttaaaa atattttgga 4500  
aatgatttgc atggaagcca tgtgtaaaac catgacatcc acttgaggga tgcaataatg 4560  
aagaaaacta caaatttaca tgcaactagt tatgcatgta gtctatataa tgaggatttt 4620  
gcaatacttt cattcatata cactcactaa gttttacacg attataattt cttcatagcc 4680

agcccaccgc ggtgggcggc cgcctgcagt ctagaaggcc tcctgcttta atgagatatg 4740  
cgagacgcct atgatcgcat gatatttgct ttcaattctg ttgtgcacgt tgtaaaaaac 4800  
ctgagcatgt gtagctcaga tccttaccgc cggtttcggt tcattctaata gaatatatca 4860  
cccgttacta tcgtatTTTT atgaataata ttctccgttc aatttactga ttgtccgtcg 4920  
agcaaattta cacattgccca ctaaactgtct aaacccttgt aatttgTTTT tgTTTTacta 4980  
tgtgtgttat gtatttgatt tgcgataaat ttttatattt ggtactaaat ttataacacc 5040  
ttttatgcta acgtttgccca acacttagca atttgcaagt tgattaattg attctaaatt 5100  
atTTTTgtct tctaaatata tataactaatc aactggaaat gtaaataattt gctaataattt 5160  
ctactatagg agaattaaag tgagtgaata tgggtaccaca aggtttggag atttaattgt 5220  
tgcaatgctg catggatggc atatacacca aacattcaat aattcttgag gataataatg 5280  
gtaccacaca agatttgagg tgcattgaacg tcacgtggac aaaaggTTTA gtaatttttc 5340  
aagacaacaa tgttaccaca cacaagTTTT gaggtgcatg catggatgcc ctgtggaaaag 5400  
tttaaaaata 5410

<210> 38

<211> 12093

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer  
Promotor-Terminator-Expressionskassette

<400> 38

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60

gcgcccagca cagggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgccca 120



tagtgggacg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccgg cagcaccggc 180  
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240  
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300  
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360  
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420  
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt gggggttcag cagccggcgc 480  
tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgagc actggccgaa gccatgctgg 540  
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600  
ggaatgcccc cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660  
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttctct 720  
gcgagggcggg ttttccggcc ggggacgcg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780  
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840  
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900  
ccggtccgga cgcagcgctc gagcaggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960  
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020  
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
ccaccgcgtc agacgcccg agcagcccg tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140  
ccaagcctca cgcccgcgct cggcctctct ggccggcctt tggcgctctt ccgcttctc 1200  
gtcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260  
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320

aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380  
ccgccccct gacgagcatc aaaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440  
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgctgct ctctgttcc 1500  
gaccctgccg cttaccgat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620  
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680  
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740  
ctgtccctta ttgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800  
ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980  
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcatc aatggcgacc 2040  
tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100  
tcggtgatgc cagatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160  
gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220  
aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgtccat caagaagagc 2280  
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340  
gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata 2460  
cctcgcgga aacttgccc tctactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520

cgactcaccg ggcgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640  
gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700  
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggagc agtgctgaca gatgaggggc 2760  
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820  
ccgcccgttt ttcggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
aaaccttggt ttttaaccagg gctgcgcctt gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
tgccccctt tctcgaacc tcccgcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccagggggc 3000  
tgcgccctc ggccgcgaac ggccacacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060  
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180  
gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggcgcgcgg ggcattcacg gacttcattg 3240  
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300  
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggt ataggtaaga ttataccgag 3360  
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540  
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600  
tgcatggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720

tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt cegtcccagc cgtgccaggt 3780  
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatagc gtaaaacagc cagcgctggc 4020  
gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgagacg atgacgtcac 4080  
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200  
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcgggtgc ttttgccgtt 4320  
acgcaccacc cegtcahtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380  
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440  
tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500  
aaaagctgtt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560  
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620  
taaattggcta aatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680  
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctgggtggg agaaaatgaa 4740  
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800  
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860  
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920

gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980  
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040  
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100  
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag 5160  
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220  
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280  
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340  
ctattttttg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatatta 5400  
ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
caccgacttc ttccgcatca agtggttttg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520  
gggcaagggg tcgctgggat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640  
ggcaccaggc ggggtcaaac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700  
cccgcaagga gggatgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
cgacgcgggg ttttcgcgcg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820  
gccccgcgaa accttcagc ccgtcggctc gatgggtccg caagctacgg ccaagatcga 5880  
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatcggccg ccgtggagcg 5940  
ttcgcgtcgt ctcgaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120

ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180  
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccc cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300  
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtag gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420  
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtc ctgcaccgct tccgcgtcct 6540  
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600  
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660  
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720  
aaccttcgc ctcattgtgc gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggatcaatga 6840  
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtggggta gttccggctg ggggttcagc 6900  
agccagcgtt ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gtcgacgca cttgcttcgc 6960  
tcagtatgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020  
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc 7080  
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tggtcgggtc cgtttacgag 7140  
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200  
ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtc tcaaacagga ggacggcccc 7260  
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320

ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcggtg ccggcggggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380  
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatat 7440  
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcgg ggtcgcggcg 7500  
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcatct ctgccgctct gctaggtagc 7560  
ccgatacgat tgatggcggc cctgggggct atttgcgga ctgcggggcgt ggcgctgttg 7620  
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcggggggcg 7680  
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccg gcctctgctc 7740  
acctttaccg cctggcaact ggcgcccgga ggacttctgc tcgttccagt agctttagtg 7800  
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860  
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920  
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccgggggatg 7980  
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggtg agcaatggat 8040  
aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100  
cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagtgc tcaagatcga cagcctgtca 8160  
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220  
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
tcattccgtg ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340  
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct ccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400  
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggctc gggagctgtt ggctggctgg 8460  
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520

gacgttttta atgtactggg gtggtttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
tgcccttcac cgcttgcccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtggttc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700  
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760  
gaacgtggac tccaacgtca aaggcgcaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820  
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgga 8880  
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaaac tggcgagaaa 8940  
ggaagggaag aaagcgaaag gagcgggagc cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
gatcgggtgcg ggctctctcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060  
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120  
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaattttt attgataaaa taacaagtca 9180  
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240  
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300  
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360  
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420  
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagtct 9480  
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540  
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600  
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaa 9660  
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720



gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtgggc gaatgggcag 9780  
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840  
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900  
tcccttcccg cttcagtgc aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960  
agccacgata gccgcgctgc ctgcctctgc agttcattca gggcacccga caggtcgggc 10020  
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080  
ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140  
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatcaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200  
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260  
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320  
acgcgcaata atggttttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcgggc 10380  
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccg 10440  
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gctcatgac ttgatccct 10500  
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560  
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620  
gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctcttg cgcttgcggt 10680  
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740  
actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgga 10800  
gcgtgaagct tgcatgcctg caggtcgacg gcgcgccgag ctccctcgagc aaatttacac 10860  
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920

tttgatttgc gataaatttt tatatttggt actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980  
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040  
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100  
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160  
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220  
tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccttg tggaaagttt aaaaatattt 11340  
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460  
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagcattata atttcttcat 11520  
agccagccca ccgcgggtggg cggccgcctg cagtctagaa ggcctcctgc tttaatgaga 11580  
tatgcgagac gcctatgatc gcatgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640  
aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgcgggttt cggttcattc taatgaatat 11700  
atcacccgtt actatcgtat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760  
gtcgacgaat tcgagctcgg cgcgcctcta gaggatcgat gaattcagat cggctgagtg 11820  
gttccttcaa cgttgcggtt ctgtcagttc caaacgtaaa acggcttgtc ccgcgtcatc 11880  
ggcgggggtc ataacgtgac tcccttaatt ctccgtcat gatcagattg tcgtttcccg 11940  
ccttcagttt aaactatcag tgtttgacag gatatttgg cgggtaaacc taagagaaaa 12000  
gagcgtttat tagaataatc ggatatttaa aagggcgtga aaagggttat ccttcgtcca 12060  
tttgatatgtg catgccaacc acagggttcc cca 12093

<210> 39  
<211> 12085  
<212> DNA  
<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer  
Promotor-Terminator-Expressionskassette

<400> 39

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60  
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgccca 120  
tagtggggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180  
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240  
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300  
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360  
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgcctt ggacctgttg aacgaggtcg 420  
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacggtt gggggttcag cagccggcgc 480  
tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540  
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600  
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660  
ccggcacgcg accgggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttctct 720  
gcgaggcggg tttttcgcc ggggacgcg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780  
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcgga 840

ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgcgggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900

ccggtccgga cgcagcggtc gagcaggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960

ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020

tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080

ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140

ccaagcctca cggccgcgt cggcctctct ggccgccttc tggcgctctt ccgcttctc 1200

gtcactgac tcgctgcgt cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctcaactcaa 1260

ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320

aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380

ccgccccct gacgagcatc aaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440

aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctcgctgcgt ctctgttcc 1500

gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560

ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccctctttt 1620

tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttcttgg tgtatccaac 1680

ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740

ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800

ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860

agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920

agggcgccgc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980

aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcatc aatggcgacc 2040

tggggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgacccgcgc acggcgcggt 2100  
tcggtgatgc caccatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160  
gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220  
aacggccggg ggggtgcgct gattgccaaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280  
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340  
gacgctcacc gggctgggtg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata 2460  
cctcgcgga aacttgccc tctactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520  
cgactcacc gccgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcttgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640  
gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgagg ggcgcactac 2700  
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760  
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaaggggtt 2820  
ccgcccgtt ttcggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
aaaccttggt ttaaccagg gctgcgcct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
tgccccccct tctcgaacc tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000  
tgccccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060  
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180  
gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cgcccgctcg ggcattcacg gacttcatgg 3240

cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300  
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360  
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540  
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600  
tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720  
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccage cgtgccagggt 3780  
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca ggggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatagcg gtaaaacagc cagcgctggc 4020  
gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080  
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tggtgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200  
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320  
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380  
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440

tggtttcaaa atcggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500  
aaaagctggt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560  
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620  
taaattggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680  
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740  
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800  
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaagggt cctgcacttt 4860  
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920  
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980  
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040  
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100  
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaa gacggaaaag 5160  
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220  
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280  
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340  
ctattttttg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400  
ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
caccgacttc ttccgcatca agtgttttgg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520  
gggcaagggg tcgctggat tcgtgcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640

ggcaccaggc ggggtcaaattc aggaataagg gcacattgcc ccggcggtgag tcgggggcaat 5700  
cccgcgaagga ggggtgaatga atcgggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
cgacgcggggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820  
gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
ggcgacagc gtgcaactgg cteccccctgc cctgcccgcg ccatcgggcg ccgtggagcg 5940  
ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aatgcagct 6120  
ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180  
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300  
cgacgatgac gaactgggtg ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggg cgatcaatgg 6420  
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540  
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600  
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660  
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgcg tcaagctgga 6720  
aaccttccgc ctcattgtgc gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct ggggtcaatga 6840



tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg,ggggttcagc 6900  
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960  
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020  
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080  
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tggtcgggtc cgtttacgag 7140  
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200  
ggcgccctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtc tcaaacagga ggacggcccc 7260  
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320  
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcgttg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380  
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatat 7440  
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggtcgcggcg 7500  
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattc ctgccgctct gctaggtagc 7560  
ccgatacgat tgatggcggc cctggggggc atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620  
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcgggggcg 7680  
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740  
acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttcagc agcttttagtg 7800  
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860  
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tgggtccggg ggatctcgc actcgaacct 7920  
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg ggtcgatca gccggggatg 7980  
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggtg agcaatggat 8040

aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100  
cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160  
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgagag ggagatgata 8220  
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
tcatccgtgt ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340  
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400  
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460  
tggcaggata tattgtgggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgag 8520  
gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
tgcccttcac cgctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
gcaggcgaaa atcctgtttg atgggtggttc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700  
agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760  
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820  
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880  
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940  
ggaagggaag aaagcgaaa ggcggggcgc cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
gatcgggtgc ggctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060  
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120  
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt taaatattt attgataaaa taacaagtca 9180  
ggattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240

tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300  
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360  
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420  
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct 9480  
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540  
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca ttttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600  
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaaac 9660  
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720  
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttgggtggc gaatgggcag 9780  
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840  
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900  
tccttccccg cttcagtgc aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960  
agccacgata gccgcgctgc ctcgctcctgc agttcattca gggcacccga caggtcggtc 10020  
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccttgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080  
ccgattgtct gttgtgccca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140  
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200  
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260  
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320  
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380  
tgagtggctc cttcaacgtt ggggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440

gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gctcatgac ttgatccct 10500  
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560  
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620  
gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680  
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtagcacc gtttctgcgg 10740  
actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgccgca 10800  
gcgtgaagct tgcattgctg caggtagcgc gcgcgccgag ctctcgagc aaatttacac 10860  
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920  
tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980  
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040  
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100  
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160  
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220  
tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340  
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460  
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcat 11520  
agccagcgga tccgatatcg ggcccgttag cgtaaccct gctttaatga gatatgcgag 11580  
acgcctatga tcgcatgata ttgcttttca attctgttgt gcacgttgta aaaaacctga 11640

gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggt ttcggttcac tctaataaat atatcaccgc 11700  
ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt tactgattgt ccgtcgacga 11760  
attcgagctc ggccgcgcctc tagaggatcg atgaattcag atcggctgag tggctccttc 11820  
aacgttgccg ttctgtcagt tccaaacgta aaacggcttg tcccgcgta tcggcggggg 11880  
tcataacgtg actcccttaa ttctccgctc atgatcagat tgctgtttcc cgccttcagt 11940  
ttaaactatc agtgtttgac aggatataatt gccgggtaaa cctaagagaa aagagcggtt 12000  
attagaataa tcggatattt aaaagggcgt gaaaaggtt atccttcgtc catttgatg 12060  
tgcatgccaa ccacagggtt ccca 12085

<210> 40

<211> 12079

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer  
Promotor-Terminator-Expressionskassette

<400> 40

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60  
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcac acagcgccag cagaatgcc 120  
tagtgggagg tgacgtcgtt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180  
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240  
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300  
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360  
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgcctt ggacctgttg aacgaggtcg 420

gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggtt ggggggttcag cagccggcgc 480  
tttactggca cttcaggaac aagcggggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540  
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600  
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660  
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgagctt cgcttcctct 720  
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780  
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840  
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgcggggcgc gatagacgcc ttcgacgaag 900  
ccggtccgga cgcagcgctc gagcagggaac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960  
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020  
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagccgcg tacgggcttt ttcatgcctt gccctagcgt 1140  
ccaagcctca cgcccgcgct cgccctctct ggccgcttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200  
gtcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260  
ggcggttaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320  
agccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380  
ccgccccct gacgagcatc aaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440  
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctcgctgcgt ctctgttcc 1500  
gacctgcg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccctcctttt 1620

tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680  
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gcccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740  
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800  
ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggctaca 1980  
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcac aatggcgacc 2040  
tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100  
tcggtgatgc cacgatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160  
gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220  
aacggccggg gggtgcgcggt gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280  
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340  
gacgtcacc gggctggttg ccctgcgcgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata 2460  
cctcgcggaa aacttgccc tactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520  
cgactaccc ggcgcgcggt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tccacagat 2640  
gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700  
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760  
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820

ccgcccgttt ttcgccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
aaaccttggt tttaaccagg gctgcgcct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
tgccccccct tctcgaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc ccccaggggc 3000  
tgcgcccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060  
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180  
ggggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcattg 3240  
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300  
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggtg ataggtaaga ttataccgag 3360  
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540  
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600  
tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720  
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780  
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020



gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080  
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tggtgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200  
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcgggtgc ttttgccgtt 4320  
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380  
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440  
tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500  
aaaagctggt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560  
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620  
taaattggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680  
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740  
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800  
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggc cctgcacttt 4860  
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt ctttgctcg 4920  
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980  
aggctctttc actccatcga catatcggtg tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040  
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100  
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaa gacggaaaag 5160  
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220

gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280  
gacattgect tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340  
ctatTTTTtg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400  
ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTtg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520  
gggcaagggg tcgctgggtat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640  
ggcaccaggc ggggtcaaac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700  
cccgcaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820  
gccccgcgaa accttccagt ccgtcgggtc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgc ccatcggccg ccgtggagcg 5940  
ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120  
ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgca gcgatgcaa acgacacggc 6180  
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccc cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcgggc 6300  
cgacgatgac gaactgggtg ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggg cgatcaatgg 6420

ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540  
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600  
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660  
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtacccgc tcaagctgga 6720  
aaccttccgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggtaaatga 6840  
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900  
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960  
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020  
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc 7080  
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag 7140  
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgctc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200  
ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggctt tcaaacagga ggacggcccc 7260  
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320  
ggggtcgcg gtatgtctgct gcgggcgtt cgggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380  
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatat 7440  
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggagg ggtcgcggcg 7500  
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcatct ctgccgctct gctaggtagc 7560  
ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcgaa ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620

gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctcg cagcgggcct ggcggggggcg 7680  
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccgt gcctctgctc 7740  
acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800  
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860  
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920  
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc cccagatctg gggtcgatca gccgggggatg 7980  
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcggtg agcaatggat 8040  
aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttctcag 8100  
cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160  
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220  
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
tcatccgtgt ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340  
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct 8400  
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggctcg gggagctgtt ggctggctgg 8460  
tggcaggata tattgtgggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520  
gacgttttta atgtactggg gtggtttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
tgcccttcac cgcctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700  
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760  
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820

tgaaccatca cccaaatcaa gtttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880  
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940  
ggaaggggaag aaagcgaaag gagcggggcgc cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060  
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120  
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180  
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240  
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300  
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360  
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420  
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct 9480  
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540  
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600  
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaa 9660  
agttcggctg gcgagagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720  
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780  
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840  
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900  
tccttcccg cttcagtgc aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960  
agccacgata gccgcgctgc ctgctcctgc agttcattca gggcacggga caggtcggtc 10020

ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080  
ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140  
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200  
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260  
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320  
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380  
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440  
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcctatgac ttgateccct 10500  
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560  
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620  
gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680  
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740  
actggctttc tacgtgttcc gtttcttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgccgca 10800  
gcgtgaagct tgcctgctg caggtcgacg gcgcgccgag ctctcgcagc aaatttacac 10860  
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920  
tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980  
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagtga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040  
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100  
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160  
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220

tttgagggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatatatt 11340  
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460  
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcat 11520  
agccagcaga tctgccggca tcgatcccgg gccatggcct gctttaatga gatatgcgag 11580  
acgcctatga tcgcatgata ttgctttca attctgttgt gcacgttgta aaaaacctga 11640  
gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggg ttccggttcat tetaatgaat atatcaccgg 11700  
ttactatcgt atttttatga ataatttct ccgttcaatt tactgattgt ccgtcgacga 11760  
gctcggcgcg cctctagagg atcgatgaat tcagatcggc tgagtggctc cttcaacgtt 11820  
gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccgc gtcacggcg ggggtcataa 11880  
cgtgactccc ttaattctcc gctcatgac agattgtcgt ttcccgcctt cagtttaaac 11940  
tatcagtgtt tgacaggata tattggcggg taaacctaag agaaaagagc gtttattaga 12000  
ataatcggat atttaaaagg gcgtgaaaag gtttatcctt cgtccatttg tatgtgcatg 12060  
ccaaccacag gggtcccca 12079

<210> 41

<211> 13002

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit zwei  
Promotor-Terminator-Expressionskassetten

&lt;400&gt; 41

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60  
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcc 120  
tagtgggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180  
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240  
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300  
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360  
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420  
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacggtt gggggttcag cagccggcgc 480  
tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540  
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600  
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660  
ccggcacgcg accgggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720  
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780  
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840  
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900  
ccggtccgga cgcagcgctt gagcaggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960  
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020  
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
ccaccgcgtc agacgcccggt agcagcccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140



ccaagcctca cggcgcgcgt cggcctctct ggcggccttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200  
gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260  
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320  
agggcagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380  
ccgccccctt gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440  
aggactataa agataccagg cgtttccccc tggaagctcc ctgctgcgct ctctgttcc 1500  
gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
ccgtgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccctcctttt 1620  
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680  
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tcctttctca 1740  
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800  
ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgctcggc cagggtaca 1980  
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcac aatggcgacc 2040  
tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100  
tcggtgatgc cagatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160  
gcaaggtcat gatggcgctg gtccgccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220  
aacggccggg ggggtgcgct gattgccaa caggtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280  
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340

gacgctcacc gggctggttg cctcgcgcgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata 2460  
cctcgcggaa aacttggecc tactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520  
cgactcaccg ggcgcgccgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgccgtgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640  
gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700  
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760  
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaaggggtt 2820  
ccgcccgttt ttcggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
aaaccttggt tttaaccagg gctgcgcctt gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
tgccccccct tctcgaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000  
tgcgcccctc ggccgcgaac ggccacacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060  
ttgcgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180  
ggggcctggg tggcggcctg cccttcactt cgcccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240  
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggg gccgtgctcg 3300  
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360  
gtatgaaaac gagaattgga cttttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540

ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaaact 3600  
tgcatggact .aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc cggatgactt 3720  
tgtcatgcag ctccaccgat ttgagaacg acagcgactt cgtcccagc cgtgccagggt 3780  
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgctg atatcgcttg ctgattacgt 3840  
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcgccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatagc gtaaaacagc cagcgctggc 4020  
gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080  
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccg catccaacgc cattcatggc 4200  
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320  
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380  
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440  
tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500  
aaaagctggt ttctggtatt taagggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560  
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620  
taaattggcta aatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680  
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aagggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740

aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800  
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860  
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg cogatggcgt cctttgctcg 4920  
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980  
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040  
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100  
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaa gacggaaaag 5160  
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220  
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280  
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340  
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatTTTa 5400  
ctggatgaat tgTTTTagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTgg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520  
gggcaagggg tcgctggat tcgtgcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640  
ggcaccaggc gggTcaaTc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700  
cccgcaagga gggTgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820  
gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatggTccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgc ccatcggccg ccgtggagcg 5940

ttcgcgtcgt ctcgaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120  
ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180  
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccc cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300  
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420  
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtc ctgcaccgt tccgcgtcct 6540  
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600  
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660  
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720  
aaccttcgc ctcagtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
cggcgaagcc tgcaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggatcaatga 6840  
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900  
agccagcgt ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gtcgacgca cttgcttcgc 6960  
tcagtatgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaa 7020  
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc 7080  
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag 7140

cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200  
ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtct tcaaacagga ggacggcccc 7260  
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320  
ggggtcgccg gtatgctgct gggggcggtg ccggcggggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380  
cgacagattc caacgggaat ctgggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatat 7440  
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggtcgcggcg 7500  
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcattc ctgccgtct gctaggtagc 7560  
ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgccgaa ctgccccgt ggcgctgttg 7620  
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcggggcg 7680  
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740  
acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttcagat agcttttagtg 7800  
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860  
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920  
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg ggtcgcgca gccggggatg 7980  
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat 8040  
aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100  
cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagtgc tcaagatcga cagcctgtca 8160  
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220  
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
tcatccgtgt ttcaaaccgc gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340

gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct 8400  
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggctg gggagctgtt ggctggctgg 8460  
tggcaggata tattgtgggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520  
gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
tgcccttcac cgcttggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
gcaggcgaaa atcctgtttg atgggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700  
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760  
gaacgtggac tccaacgtca aaggcgcaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820  
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgga 8880  
ccctaaaggg agcccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaaac tggcgagaaa 8940  
ggaagggaag aaagcgaaag gagcgggcgc cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
gatcgggtgcg ggctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060  
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120  
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaatttt attgataaaa taacaagtca 9180  
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240  
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300  
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360  
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420  
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct 9480  
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540

ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600  
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660  
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720  
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780  
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840  
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900  
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960  
agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020  
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080  
ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140  
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatcaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200  
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260  
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320  
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380  
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccgc 10440  
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcacatgac ttgatccct 10500  
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gttcccaac 10560  
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620  
gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgctt 10680  
ttcccttgc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740



actggcctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgga 10800  
gcgtgaagct tgcattgctg caggtcgacg gcgcgcgag ctccctcgagc aaatttacac 10860  
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920  
tttgatttgc gataaatttt tatatttggt actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980  
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040  
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100  
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160  
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220  
tttgagggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccttg tggaaagttt aaaaatattt 11340  
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460  
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcat 11520  
agccagccca ccgcggtggg cggccgctg cagtctagaa ggcctcctgc tttaatgaga 11580  
tatgcgagac gcctatgatc gcatgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640  
aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgcggttt cggttcattc taatgaatat 11700  
atcaccggtt actatcgtat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760  
gtcgagcaaa tttacacatt gccactaaac gtctaaacce ttgtaatttg tttttgtttt 11820  
actatgtgtg ttatgtattt gatttgcgat aaatttttat atttggtact aaatttataa 11880  
caccttttat gctaacgttt gccaacactt agcaatttgc aagttgatta attgattcta 11940

aattatTTTT gtcttctaaa tacatatact aatcaactgg aaatgtaaatt atttgctaatt 12000  
atttctacta taggagaatt aaagtgagtg aatatggtac cacaagggtt ggagatttaa 12060  
ttgttgcaat gctgcatgga tggcatatac accaaacatt caataattct tgaggataat 12120  
aatggtacca cacaagattt gaggtgcatg aacgtcacgt ggacaaaagg tttagtaatt 12180  
tttcaagaca acaatgttac cacacacaag ttttgaggtg catgcatgga tgccctgtgg 12240  
aaagtttaaa aatatttttg aaatgatttg catggaagcc atgtgtaaaa ccatgacatc 12300  
cacttgaggg atgcaataat gaagaaaact acaaatttac atgcaactag ttatgcatgt 12360  
agtctatata atgaggattt tgcaatactt tcattcatac acactcacta agttttacac 12420  
gattataatt tcttcatagc cagcggatcc gatatcgggc ccgctagcgt taaccctgct 12480  
ttaatgagat atgcgagacg cctatgatcg catgatattt gctttcaatt ctgttggtgca 12540  
cgttgtaaaa aacctgagca tgtgtagctc agatccttac cgccgggttc gggttcattct 12600  
aatgaatata tcacccgtta ctatcgtatt tttatgaata atattctccg ttcaatttac 12660  
tgattgtccg tcgacgaatt cgagctcggc gcgcctctag aggatcgatg aattcagatc 12720  
ggctgagtggt ctccttcaac gttgcgggtc tgtcagttcc aaacgtaaaa cggcttgtcc 12780  
cgcgatcatg gcgggggtca taacgtgact cccttaattc tccgctcatg atcagattgt 12840  
cgtttccccg cttcagttta aactatcagt gtttgacagg atatattggc gggtaaaccct 12900  
aagagaaaag agcgtttatt agaataatcg gatatttaaa agggcgtgaa aagggtttatc 12960  
cttcgtccat ttgtatgtgc atgccaacca cagggttccc ca 13002

&lt;210&gt; 42

&lt;211&gt; 13905

&lt;212&gt; DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit drei  
Promotor-Terminator-Expressionskassetten

<400> 42

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60  
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgccca 120  
tagtggggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180  
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240  
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300  
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360  
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420  
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacggtt gggggttcag cagccggcgc 480  
tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540  
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600  
ggaatgcccc cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660  
ccggcacgcg accgggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720  
gcgagggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780  
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcgcca 840  
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900  
ccggtccgga cgcagcgttc gagcaggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960  
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020

tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140  
ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccgccttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200  
gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctcaactcaa 1260  
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320  
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380  
ccgccccctt gacgagcatc aaaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440  
aggactataa agataccagg cgtttccccc tggaagctcc ctctgcgct ctctgttcc 1500  
gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccaccccttt 1620  
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680  
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccaccgcg gagcgggtgt tccttcttca 1740  
ctgtccctta ttgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800  
ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980  
aatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcatc aatggcgacc 2040  
tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100  
tcggtgatgc cagatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160  
gcaaggatcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220

aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280  
gacttcgcgg agctgggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340  
gaagctcacc gggctgggtg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
cgcgccagaa acgcgctcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata 2460  
cctcgcgga aacttggccc tcaactgacag atgagggggc gacgttgaca cttgaggggc 2520  
cgactcacc ggcgcgcgct tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640  
gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700  
tgacagatga gggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760  
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcaaaaa tccagcattt gcaaggggtt 2820  
ccgcccgtt ttcggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
aaaccttggt tttaaccagg gctgcgcct gtgcgctga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
tgeccccct tctgaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000  
tgcgccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060  
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180  
gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240  
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcggt gccgtgctcg 3300  
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360  
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420

ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540  
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaaact 3600  
tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720  
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780  
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca ggggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatcgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020  
gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080  
tgcccggtg tatgcgcgag gttaccgact ggggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200  
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320  
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380  
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440  
tggtttcaaa atcgggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500  
aaaagctggt ttctgggtatt taagggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagtctgt 4560  
cttggtataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620

taaattggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680  
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740  
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800  
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaagggt cctgcacttt 4860  
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920  
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980  
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040  
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100  
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag 5160  
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220  
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280  
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340  
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaaata ttatatttta 5400  
ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTtg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520  
gggcaagggg tcgctggat tcgtgcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
cggccagacg gtctacggga ccgacttcac tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640  
ggcaccaggc gggTcaaTc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700  
cccgcaagga gggTgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820

gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgcg ccatcgggccg ccgtggagcg 5940  
ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120  
ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180  
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300  
cgacgatgac gaactgggtg ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420  
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540  
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600  
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660  
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgcg tcaagctgga 6720  
aaccttccgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggatcaatga 6840  
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtc gttccggctg ggggttcagc 6900  
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960  
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgtc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020



ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080  
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tggtcgggtc cgtttacgag 7140  
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200  
ggcgctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtct tcaaacagga ggacggcccc 7260  
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320  
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcggtg ccggcggggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380  
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaattatt 7440  
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggtcgcgcg 7500  
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattct ctgccgtct gctaggtagc 7560  
ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcgga ctgcgggctt ggcgctgttg 7620  
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcgggggcg 7680  
gtttccatgg cgttcggaa cggtctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740  
acctttaccg cctggcaact ggcgggccga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800  
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860  
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttcggg ggatctcgc actcgaacct 7920  
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg ggtcgcgatc gccggggatg 7980  
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggtg agcaatggat 8040  
aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100  
cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160  
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220

tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
tcacccgtgt ttcaaaccgc gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340  
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct 8400  
gcctgtatcg agtgggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460  
tggcaggata tattgtgggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520  
gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
tgcccttcac cgcttgccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
gcaggcgaaa atcctgtttg atgggtggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700  
agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760  
gaacgtggac tccaacgtca aaggcgaaa aaccgtctat caggcgcatg gccactacg 8820  
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgga 8880  
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaa cggcggaacg tggcgagaaa 8940  
ggaagggaag aaagcgaaag gagcgggcgc cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
gatcgggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060  
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120  
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180  
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240  
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300  
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360  
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctcgaa 9420

tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagtct 9480  
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540  
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca ttttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600  
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660  
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720  
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttgggtggc gaatgggcag 9780  
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840  
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900  
tcccttcccg cttcagtgc aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960  
agccacgata gccgcgctgc ctgcctctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020  
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080  
ccgattgtct gttgtgccca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140  
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200  
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260  
agtggagcat ttttgacaag aaatatattg tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320  
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380  
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440  
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcctgac ttgatccct 10500  
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560  
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620

gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680  
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740  
actggctttc tacgtgttcc gtttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgggca 10800  
gcgtgaagct tgcattgctg caggctgacg gcgcgccgag ctctctgagc aaattttacac 10860  
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920  
tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980  
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040  
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100  
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160  
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220  
tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340  
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460  
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520  
agccagccca ccgcggtggg cggccgctg cagtctagaa ggctcctgc tttaatgaga 11580  
tatgcgagac gcctatgac gcattgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640  
aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgccggttt cggttcattc taatgaatat 11700  
atcacccgtt actatcgtat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760  
gtcgagcaaa tttacacatt gccactaaac gtctaaacct ttgtaatttg tttttgtttt 11820

actatgtgtg ttatgtattt gatttgcgat aaatttttat atttgggtact aaattttataa 11880  
caccttttat gctaacgttt gccaacactt agcaatttgc aagttgatta attgattcta 11940  
aattatTTTT gtcttctaaa tacatatact aatcaactgg aaatgtaaatt atttgctaatt 12000  
atttctacta taggagaatt aaagtgagtg aatatggtac cacaagggtt ggagatttaa 12060  
ttgttgcaat gctgcatgga tggcatatac accaaacatt caataattct tgaggataat 12120  
aatggtacca cacaagattt gaggtgcatg aacgtcacgt ggacaaaagg tttagtaatt 12180  
tttcaagaca acaatgttac cacacacaag ttttgaggtg catgcatgga tgccctgtgg 12240  
aaagtttaaa aatatttttg aaatgatttg catggaagcc atgtgtaaaa ccatgacatc 12300  
cacttgaggg atgcaataat gaagaaaact acaaatttac atgcaactag ttatgcatgt 12360  
agtctatata atgaggattt tgcaatactt tcattcatac aactcacta agttttacac 12420  
gattataatt tcttcatagc cagcggatcc gatatcgggc ccgctagcgt taaccctgct 12480  
ttaatgagat atgcgagacg cctatgatcg catgatattt gctttcaatt ctgttgtgca 12540  
cgttgtaaaa aacctgagca tgtgtagctc agatccttac cgccgggttc ggttcattct 12600  
aatgaatata tcaccggtta ctatcgtatt tttatgaata atattctccg ttcaatttac 12660  
tgattgtccg tcgagcaaatt ttacacattg ccactaaacg tctaaaccct tgtaatttgt 12720  
ttttgtttta ctatgtgtgt tatgtatttg atttgcgata aatttttata tttgggtacta 12780  
aatttataac accttttatg ctaacgtttg ccaacactta gcaatttgca agttgattaa 12840  
ttgattctaa attatTTTTg tcttctaaat acatatacta atcaactgga aatgtaaata 12900  
tttgctaata tttctactat aggagaatta aagtgagtga atatggtacc acaagggttg 12960  
gagatttaatt tgttgcaatg ctgcatggat ggcatataca ccaaacattc aataattctt 13020

gaggataata atggtaccac acaagatttg aggtgcatga acgtcacgtg gacaaaagggt 13080  
ttagtaattt ttcaagacaa caatgttacc acacacaagt tttgagggtgc atgcatggat 13140  
gccctgtgga aagtttaaaa atattttgga aatgatttgc atggaagcca tgtgtaaaac 13200  
catgacatcc acttggagga tgcaataatg aagaaaacta caaatTTaca tgcaactagt 13260  
tatgcatgta gtctatataa tgaggatttt gcaatacttt cattcataca cactcactaa 13320  
gttttacacg attataattt ctTCatagcc agcagatctg ccggcatcga tcccgggcca 13380  
tggcctgctt taatgagata tgcgagacgc ctatgatcgc atgatatttg ctttcaattc 13440  
tgttgtgcac gttgtaaaaa acctgagcat gtgtagctca gatccttacc gccggtttcg 13500  
gttcattcta atgaatatat caccggttac tatcgtattt ttatgaataa tattctccgt 13560  
tcaatttact gattgtccgt cgacgagctc ggcgcgctc tagaggatcg atgaattcag 13620  
atcggtgag tggctccttc aacgttgagg ttctgtcagt tccaaacgta aaacggcttg 13680  
tcccgctca tcggcggggg tcataacgtg actccttaa ttctccgctc atgatcagat 13740  
tgtcgtttcc cgccttcagt ttaaactatc agtgtttgac aggatatatt ggcgggtaaa 13800  
cctaagagaa aagagcgttt attagaataa tcggatattt aaaagggcgt gaaaaggttt 13860  
atccttcgctc catttgatatg tgcatgccaa ccacagggtt cccca 13905

<210> 43

<211> 15430

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanz. Expressionsvektor mit zwei Promotor-  
Terminator-Expressionskassetten inseriert ist

## Physcomitrella patens Elongase und Desaturase

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (11543)..(12415)

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (13313)..(14890)

&lt;400&gt; 43

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60

gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcc 120

tagtgggagg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180

ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240

atgttggggt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300

ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360

tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420

gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt gggggttcag cagccggcgc 480

tttactggca cttcaggaac aagcgggagc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540

cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600

ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattcatg 660

ccggcacgag accggggcga ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttctct 720

gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780

ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840

cgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900

ccggtccgga cgcagcggtc gagcagggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960  
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020  
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140  
ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccggccttc tggcgctctt ccgcttcttc 1200  
gctcactgac tcgctgcgct cggtcggtcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260  
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320  
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380  
ccgccccctt gacgagcatc aaaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440  
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaaagctcc ctctgcgct ctctgttcc 1500  
gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc cttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620  
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttcttgg tgtatccaac 1680  
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740  
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800  
ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
agggggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980  
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcac ccatggcgacc 2040  
tgggccgctt ggccggcctg ctgaaactct ggctaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100



tcggtgatgc cacgatactc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160  
gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220  
aacggccggg ggggtgcgct gattgccaaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280  
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340  
gacgctcacc gggctgggtg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata 2460  
cctcgcgga aacttgcccc tctactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520  
cgactcacc ggcgcgcgct tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcttgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640  
gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgagg gcgcgactac 2700  
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760  
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaaggggtt 2820  
ccgccggtt ttcgccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
aaaccttggt ttaaccagg gctgcgcct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
tgccccct tctgaacct tcccgcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000  
tgccccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgttgga gtccttgcca 3060  
ttgccgggat cggggcagta acgggatgg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180  
gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240  
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300

tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggtg ataggtaaga ttataccgag 3360  
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540  
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600  
tgcatggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720  
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780  
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020  
gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080  
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200  
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320  
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380  
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440  
tggtttcaaa atcgggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500

aaaagctggt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560  
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620  
taaattggcta aatgagaat atcacggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680  
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctggtggg agaaaatgaa 4740  
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800  
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgctg ttccaaaggc cctgcacttt 4860  
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt ctttgctcg 4920  
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980  
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040  
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100  
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaa gacggaaaag 5160  
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220  
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280  
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340  
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatTTTA 5400  
ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
caccgacttc ttccgatca agtgTTTTg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtattt 5520  
gggcaagggg tcgctggat tcgtgcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640  
ggcaccaggc gggTcaaTc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700

cccgcaagga gggatgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820  
gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgc ccatcgggccg ccgtggagcg 5940  
ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120  
ttccttgctc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180  
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300  
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420  
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540  
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgctgct 6600  
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660  
ggccccgacg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgcg tcaagctgga 6720  
aaccttccgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct ggggtcaatga 6840  
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900

agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960  
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020  
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc 7080  
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tggttcgggtc cgtttacgag 7140  
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200  
ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtc tcaaacagga ggacggcccc 7260  
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320  
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcggtg cgggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380  
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatat 7440  
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggtcgcggcg 7500  
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattc ctgccgtct gctaggtagc 7560  
ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcgaa ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620  
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcgggggcg 7680  
gtttccatgg cggttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccgt gcctctgctc 7740  
acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttcagat agcttttagtg 7800  
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860  
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttcggg ggatctcgcg actcgaacct 7920  
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980  
catcaggccg acagtcggaa ctcgggtcc ccgacctgta ccattcggtg agcaatggat 8040  
aggggagttg atatcgtaa cggtcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100

cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160  
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220  
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
tcatccgtgt ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340  
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400  
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctggt ggctggctgg 8460  
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520  
gacgttttta atgtactggg gtggtttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
tgcccttcac cgctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtggttc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700  
agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760  
gaacgtggac tccaacgtca aaggcgcaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820  
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgga 8880  
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940  
ggaagggaag aaagcgaaag gagcgggcgc cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
gatcgggtcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060  
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120  
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180  
ggattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240  
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300

tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360  
agcttggggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420  
tcggggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct 9480  
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540  
ccacagtcca tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600  
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaaac 9660  
agttcggtcg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720  
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780  
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840  
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900  
tcccttcccg cttcagtgc aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960  
agccacgata gccgcgctgc ctgcgtctgc agttcattca gggcacccga caggtcggtc 10020  
ttgacaaaaa gaaccgggcg ccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080  
ccgattgtct gttgtgccca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140  
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatcaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200  
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260  
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320  
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380  
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccg 10440  
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcatgac ttgatcccct 10500

gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560  
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620  
gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcgtt 10680  
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740  
actggctttc tacgtgttcc gtttcttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcggca 10800  
gcgtgaagct tgcattgctg caggctgacg gcgcgcgag ctctcgagc aaatttacac 10860  
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920  
tttgatttgc gataaatttt tatatttggc actaaattta taacacctt tatgctaacg 10980  
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040  
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgc aatatttcta ctataggaga 11100  
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160  
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220  
tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340  
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460  
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcat 11520  
agccagccca ccgcggtgga aa atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag 11572  
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu  
1 5 10  
ttg gat ggg aag gtc tcg cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt 11620



Leu Asp Gly Lys Val Ser Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe	
15 20 25	
ggg gtg gag ttg acg gat acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt	11668
Gly Val Glu Leu Thr Asp Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val	
30 35 40	
gac agt ccc aca ccc atc gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att	11716
Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile	
45 50 55	
gtc att gga ggg ctt ttg tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc	11764
Val Ile Gly Gly Leu Leu Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg	
60 65 70	
gcc tcg gag cca ttt ttg ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg	11812
Ala Ser Glu Pro Phe Leu Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu	
75 80 85 90	
ttc tgt ttt gcg ctc agt ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag	11860
Phe Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln	
95 100 105	
gct att acc tgg cgg tac tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa	11908
Ala Ile Thr Trp Arg Tyr Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys	
110 115 120	
cat aaa gag atg gcg att ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac	11956
His Lys Glu Met Ala Ile Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr	
125 130 135	
gtg gaa ttc atg gat acc gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg	12004
Val Glu Phe Met Asp Thr Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg	
140 145 150	
caa ata agc ttc ctc cac gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att	12052
Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile	
155 160 165 170	
tgg tgg gct att gct cat cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct	12100

Trp Trp Ala Ile Ala His His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser  
 175 180 185

gcg gct ctg aac tca gga gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc 12148  
 Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe  
 190 195 200

ttg gct gcc tgc ctt cga agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt 12196  
 Leu Ala Ala Cys Leu Arg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu  
 205 210 215

ttt tgg ggc agg tac ttg aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg 12244  
 Phe Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu  
 220 225 230

aac tta gtg cag gct tac tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca 12292  
 Asn Leu Val Gln Ala Tyr Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro  
 235 240 245 250

caa tgg ctg atc aag att ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt 12340  
 Gln Trp Leu Ile Lys Ile Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe  
 255 260 265

ctt ttc ggc aat ttt tac gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga 12388  
 Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly  
 270 275 280

aag caa aag gga gct aaa act gag tga tctagaaggc ctcttgcttt 12435  
 Lys Gln Lys Gly Ala Lys Thr Glu  
 285 290

aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg 12495

ttgtaaaaaa cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa 12555

tgaatatatc acccggttact atcgatatttt tatgaataat attctccggt caatttactg 12615

attgtccgtc gagcaaat t acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttggtt 12675

ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa 12735

ttataacac ctttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt 12795  
 gattctaaat tatttttgtc ttctaaatac atatactaata caactggaaa tgtaaataatt 12855  
 tgctaataatt tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aaggtttgga 12915  
 gatttaattg ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga 12975  
 ggataataat ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt 13035  
 agtaattttt caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgagggtgcat gcatggatgc 13095  
 cctgtggaaa gtttaaaaat attttggaaa tgatttgcat ggaagccatg tgtaaaacca 13155  
 tgacatccac ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta 13215  
 tgcatgtagt ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt 13275  
 ttacacgat tataatttct tcatagccag cggatcc atg gta ttc gcg ggc ggt 13330  
 Met Val Phe Ala Gly Gly  
 295  
 gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac atc gac gtc gag cac att 13378  
 Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Ile  
 300 305 310  
 gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc agt tat gtg tct tca act 13426  
 Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe Ser Tyr Val Ser Ser Thr  
 315 320 325  
 gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa cct ttg aag cgc ctg acg 13474  
 Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln Pro Leu Lys Arg Leu Thr  
 330 335 340 345  
 agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc gtg caa tgt ata tca gct 13522  
 Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala Val Gln Cys Ile Ser Ala  
 350 355 360  
 gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga act gcg gag gca ctc gca 13570

Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly Thr Ala Glu Ala Leu Ala  
 365 370 375

gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg tca tct cag tgg aag aag 13618  
 Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg Ser Ser Gln Trp Lys Lys  
 380 385 390

tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta cac aac aag cca agc gat 13666  
 Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val His Asn Lys Pro Ser Asp  
 395 400 405

tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat gat gtt tcc aat ttt gcg 13714  
 Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Phe Ala  
 410 415 420 425

gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt act tat ttt gga cga gac 13762  
 Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp  
 430 435 440

ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca gct tct aca tgg aaa att 13810  
 Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala Ala Ser Thr Trp Lys Ile  
 445 450 455

ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag agg gtg gag ccg act cca 13858  
 Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu Arg Val Glu Pro Thr Pro  
 460 465 470

gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga gct ctt ttc ctg agg gag 13906  
 Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu  
 475 480 485

caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat gtt atg aag ctg ctc acg 13954  
 Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr Val Met Lys Leu Leu Thr  
 490 495 500 505

aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca ata ata tgt tgg agc aag 14002  
 Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala Ile Ile Cys Trp Ser Lys  
 510 515 520

act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt atg atg gct ctg tgt ttc 14050

Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys Met Met Ala Leu Cys Phe	
525 530 535	
caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt ctc cac aat cag gtg ttt	14098
Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Phe	
540 545 550	
gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg tat gtg atc ggc aac gcc	14146
Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly Tyr Val Ile Gly Asn Ala	
555 560 565	
gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag gag aag cat aac ctt cat	14194
Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys Glu Lys His Asn Leu His	
570 575 580 585	
cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act tac caa cca att gat gaa	14242
His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr Tyr Gln Pro Ile Asp Glu	
590 595 600	
gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg agc aag gac ata ctg gcc	14290
Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp Ser Lys Asp Ile Leu Ala	
605 610 615	
aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc ctc caa tac cag cat ctg	14338
Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile Leu Gln Tyr Gln His Leu	
620 625 630	
ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt ggt agt tgg ctc ttt tgg	14386
Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg Gly Ser Trp Leu Phe Trp	
635 640 645	
agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc tca cct gtc gac agg ttg	14434
Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu Ser Pro Val Asp Arg Leu	
650 655 660 665	
ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac ttt tgg ttc gtc ggg aca	14482
Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr Phe Trp Phe Val Gly Thr	
670 675 680	
gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca tta gta tgg atg gcg gtg	14530

Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Leu Val Trp Met Ala Val  
 685 690 695

act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc ttt gta ttt gta ctt agc 14578  
 Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly Phe Val Phe Val Leu Ser  
 700 705 710

cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct aaa gaa ttc gtg agt gca 14626  
 His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser Lys Glu Phe Val Ser Ala  
 715 720 725

cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga aac ata ttc aac gac tgg 14674  
 Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly Asn Ile Phe Asn Asp Trp  
 730 735 740 745

ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag cat cat ctt ttc cca aca 14722  
 Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr  
 750 755 760

atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca cct aga gtg gag gtg ttc 14770  
 Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala Pro Arg Val Glu Val Phe  
 765 770 775

tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac gta tct att gct acc ggc 14818  
 Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Ile Ala Thr Gly  
 780 785 790

act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa gtc gcg gag gct gcg gca 14866  
 Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu Val Ala Glu Ala Ala Ala  
 795 800 805

gag cag cat gct acc acc agt taa gctagcgtta accctgcttt aatgagatat 14920  
 Glu Gln His Ala Thr Thr Ser  
 810 815

gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg ttgtaaaaaa 14980

cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa tgaatatatc 15040

accggttact atcgtatattt tatgaataat attctccggt caatttactg attgtccgtc 15100

gacgaattcg agctcggcgc gcctctagag gatcgatgaa ttcagatcgg ctgagtggct 15160  
ccttcaacgt tgcggttctg tcagttccaa acgtaaaacg gcttgtcccg cgtcatcggc 15220  
gggggtcata acgtgactcc cttaattctc cgctcatgat cagattgtcg tttccgcct 15280  
tcagtttaaa ctatcagtgt ttgacaggat atattggcgg gtaaaccctaa gagaaaagag 15340  
cgtttattag aataatcgga tatttaaaag ggcgtgaaaa ggtttatcct tcgtccattt 15400  
gtatgtgcat gcccaaccaca gggttcccca 15430

<210> 44

<211> 290

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 44

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser  
1 5 10 15

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp  
20 25 30

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile  
35 40 45

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu  
50 55 60

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu  
65 70 75 80

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser  
85 90 95

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr  
100 105 110

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile  
115 120 125

Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr  
130 135 140

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His  
145 150 155 160

Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His  
165 170 175

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly  
180 185 190

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg  
195 200 205

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu  
210 215 220

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr  
225 230 235 240

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile  
245 250 255

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr  
260 265 270

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys  
275 280 285

Thr Glu  
290

<210> 45

<211> 525



&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Unknown

&lt;400&gt; 45

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn

1

5

10

15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe

20

25

30

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln

35

40

45

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala

50

55

60

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly

65

70

75

80

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg

85

90

95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val

100

105

110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr

115

120

125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser

130

135

140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala

145

150

155

160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu

165

170

175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg

180

185

190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr  
195 200 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala  
210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys  
225 230 235 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe  
245 250 255

Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly  
260 265 270

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys  
275 280 285

Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr  
290 295 300

Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp  
305 310 315 320

Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile  
325 330 335

Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg  
340 345 350

Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu  
355 360 365

Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr  
370 375 380

Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro  
385 390 395 400

Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly

405

410

415

Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser  
420 425 430

Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly  
435 440 445

Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu  
450 455 460

His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala  
465 470 475 480

Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp  
485 490 495

Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu  
500 505 510

Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser  
515 520 525

&lt;210&gt; 46

&lt;211&gt; 17752

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Unknown

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; pflanz. Expressionsvektor mit 3

Promotor-Terminator- Expressionskassetten

inseriert mit Physcomitrella Elongase + Desaturase

+ Phaeodactylum Desaturase

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (11543)..(12415)

&lt;220&gt;

<221> CDS

<222> (13313)..(14890)

<220>

<221> CDS

<222> (15791)..(17200)

<400> 46

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60  
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgccca 120  
tagtggggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccgg cagcaccggc 180  
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240  
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300  
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360  
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgcgcacct ggacctgttg aacgaggtcg 420  
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt gggggttcag cagccggcgc 480  
tttactggca cttcaggaac aagcggggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540  
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600  
ggaatgcccc cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660  
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720  
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780  
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840  
ccgttgaaca ggctccgctc tcgcgcgtgt tgcgggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900  
ccggtccgga cgcagcgttc gagcagggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960

ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020  
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc cteccccctt 1080  
ccaccgcgtc agacgcccggt agcagcccgcc tacgggcttt ttcattgccct gccctagcgt 1140  
ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccggccttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200  
gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctcaactcaa 1260  
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320  
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgcttt tccataggct 1380  
ccgccccctt gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440  
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaaagctcc ctctgcgct ctctgttcc 1500  
gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
ccgctgcata acctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620  
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttcttgg tgtatccaac 1680  
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740  
ctgtccctta ttgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800  
ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggttaca 1980  
aatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcatc aatggcgacc 2040  
tgggccgctt ggccggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100  
tcggtgatgc cagcatectc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160

gcaagggtcat gatgggctg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220  
aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280  
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340  
gacgctcacc gggctggttg cctcgcgcg tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata 2460  
cctcgcggaa aacttgccc tcaactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520  
cgactcacc ggcgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgctgattt tacgcgagtt tccacagat 2640  
gatgtggaca agcctgggga taagtgccct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700  
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760  
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820  
ccgcccgttt ttccggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
aaaccttggt tttaaccagg gctgcgccct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
tgccccccct tctcgaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000  
tgcgcccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060  
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180  
gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240  
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300  
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggt ataggtaaga ttataccgag 3360

gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540  
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600  
tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720  
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780  
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020  
gcgatttagc cccgacatag ccccaactgtt cgtccatttc cgcgagacg atgacgtcac 4080  
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200  
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320  
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380  
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440  
tggtttcaa atcgggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500  
aaaagctgtt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560

cttggtataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620  
taaattggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680  
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740  
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800  
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860  
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920  
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980  
aggtcttttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040  
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100  
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaa gacggaaaag 5160  
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220  
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280  
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340  
ctattttttg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400  
ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
caccgacttc ttccgcatca agtgttttgg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520  
gggcaagggg tcgctggat tcgtgcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640  
ggcaccaggc gggtaaatac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700  
cccgaagga gggatgaatg atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760



cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgctgc 5820  
gccccgcgaa accttcacgt ccgtcggctc gatggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
gcgcgacagc gtgcaactgg ctcccctgc cctgcccgcg ccatcggccg ccgtggagcg 5940  
ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120  
ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180  
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcgggc 6300  
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420  
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540  
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600  
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660  
ggccccagcg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720  
aaccttcgc ctcattgtcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct ggggtcaatga 6840  
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtggggctc gttccggctg ggggttcagc 6900  
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960

tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020  
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080  
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcggggtc cgttttacgag 7140  
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200  
ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtc tcaaacagga ggacggcccc 7260  
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaaca gcgaggccga 7320  
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcgttg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380  
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatat 7440  
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggcgg ggtcgcggcg 7500  
acggtagggc ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcattc ctgccgtct gctaggtagc 7560  
ccgatacgat tgatggcggc cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620  
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcgggggcg 7680  
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccgt gcctctgctc 7740  
acctttaccg cctggcaact ggcgggccga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800  
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860  
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920  
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggctcgatca gccggggatg 7980  
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggtg agcaatggat 8040  
aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gtttctcag 8100  
cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagtgc tcaagatcga cagcctgtca 8160

cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220  
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
tcatccgtgt ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340  
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct 8400  
gcctgtatcg agtgggtgatt ttgtgccgag ctgccggctg gggagctgtt ggctggctgg 8460  
tggcaggata tattgtgggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520  
gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
tgcccttcac cgctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtggttc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700  
agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttg aacaagagtc cactattaaa 8760  
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820  
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880  
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940  
ggaagggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
gatcgggtcg ggctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060  
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120  
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaatttt attgataaaa taacaagtca 9180  
gggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240  
tcaataactg attatatcag ctggtagatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300  
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360

agcttgggtc cgcctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat ggcgtgcgaa 9420  
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaagctct 9480  
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540  
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600  
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660  
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgtct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720  
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780  
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840  
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900  
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960  
agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020  
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080  
ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140  
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200  
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260  
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320  
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380  
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccgc 10440  
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcacatgac ttgatccct 10500  
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560

cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620  
 gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680  
 ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740  
 actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgcca 10800  
 gcgtgaagct tgcattgctg caggctgacg gcgcgccgag ctccctcgagc aaatttacac 10860  
 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920  
 tttgatttgc gataaatttt tatatttggt actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980  
 tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040  
 aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100  
 attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160  
 ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220  
 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
 taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340  
 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaacctgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460  
 ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520  
 agccagcca cgcgggtgga aa atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag 11572  
 Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu  
 1 5 10  
 ttg gat ggg aag gtc tcg cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt 11620  
 Leu Asp Gly Lys Val Ser Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe  
 15 20 25

ggg gtg gag ttg acg gat acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt	11668
Gly Val Glu Leu Thr Asp Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val	
30 35 40	
gac agt ccc aca ccc atc gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att	11716
Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile	
45 50 55	
gtc att gga ggg ctt ttg tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc	11764
Val Ile Gly Gly Leu Leu Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg	
60 65 70	
gcc tcg gag cca ttt ttg ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg	11812
Ala Ser Glu Pro Phe Leu Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu	
75 80 85 90	
ttc tgt ttt gcg ctc agt ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag	11860
Phe Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln	
95 100 105	
gct att acc tgg cgg tac tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa	11908
Ala Ile Thr Trp Arg Tyr Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys	
110 115 120	
cat aaa gag atg gcg att ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac	11956
His Lys Glu Met Ala Ile Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr	
125 130 135	
gtg gaa ttc atg gat acc gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg	12004
Val Glu Phe Met Asp Thr Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg	
140 145 150	
caa ata agc ttc ctc cac gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att	12052
Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile	
155 160 165 170	
tgg tgg gct att gct cat cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct	12100
Trp Trp Ala Ile Ala His His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser	
175 180 185	

gcg gct ctg aac tca gga gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc 12148  
Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe  
190 195 200

ttg gct gcc tgc ctt cga agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt 12196  
Leu Ala Ala Cys Leu Arg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu  
205 210 215

ttt tgg ggc agg tac ttg aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg 12244  
Phe Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu  
220 225 230

aac tta gtg cag gct tac tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca 12292  
Asn Leu Val Gln Ala Tyr Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro  
235 240 245 250

caa tgg ctg atc aag att ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt 12340  
Gln Trp Leu Ile Lys Ile Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe  
255 260 265

ctt ttc ggc aat ttt tac gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga 12388  
Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly  
270 275 280

aag caa aag gga gct aaa act gag tga tctagaaggc ctccctgcttt 12435  
Lys Gln Lys Gly Ala Lys Thr Glu  
285 290

aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg 12495

ttgtaaaaaa cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa 12555

tgaatatatc acccgttact atcgtatttt tatgaataat attctccgtt caatttactg 12615

attgtccgtc gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt 12675

ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa 12735

tttataacac cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt 12795

gattctaaat tatttttgtc ttctaaatac atatacta at caactggaaa tgtaaattatt 12855  
 tgctaattatt tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aaggtttgga 12915  
 gatttaattg ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga 12975  
 ggataataat ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggttt 13035  
 agtaattttt caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc 13095  
 cctgtggaaa gtttaaaaat attttggaaa tgatttgcat ggaagccatg tgtaaaacca 13155  
 tgacatccac ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta 13215  
 tgcattgtat ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt 13275  
 ttacacgat tataatttct tcatagccag cggatcc atg gta ttc gcg ggc ggt 13330  
 Met Val Phe Ala Gly Gly  
 295

gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac atc gac gtc gag cac att 13378  
 Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Ile  
 300 305 310

gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc agt tat gtg tct tca act 13426  
 Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe Ser Tyr Val Ser Ser Thr  
 315 320 325

gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa cct ttg aag cgc ctg acg 13474  
 Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln Pro Leu Lys Arg Leu Thr  
 330 335 340 345

agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc gtg caa tgt ata tca gct 13522  
 Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala Val Gln Cys Ile Ser Ala  
 350 355 360

gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga act gcg gag gca ctc gca 13570  
 Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly Thr Ala Glu Ala Leu Ala  
 365 370 375



gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg tca tct cag tgg aag aag	13618
Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg Ser Ser Gln Trp Lys Lys	
380 385 390	
tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta cac aac aag cca agc gat	13666
Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val His Asn Lys Pro Ser Asp	
395 400 405	
tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat gat gtt tcc aat ttt gcg	13714
Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Phe Ala	
410 415 420 425	
gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt act tat ttt gga cga gac	13762
Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp	
430 435 440	
ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca gct tct aca tgg aaa att	13810
Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala Ala Ser Thr Trp Lys Ile	
445 450 455	
ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag agg gtg gag ccg act cca	13858
Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu Arg Val Glu Pro Thr Pro	
460 465 470	
gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga gct ctt ttc ctg agg gag	13906
Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu	
475 480 485	
caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat gtt atg aag ctg ctc acg	13954
Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr Val Met Lys Leu Leu Thr	
490 495 500 505	
aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca ata ata tgt tgg agc aag	14002
Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala Ile Ile Cys Trp Ser Lys	
510 515 520	
act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt atg atg gct ctg tgt ttc	14050
Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys Met Met Ala Leu Cys Phe	
525 530 535	

caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt ctc cac aat cag gtg ttt	14098
Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Phe	
540 545 550	
gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg tat gtg atc ggc aac gcc	14146
Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly Tyr Val Ile Gly Asn Ala	
555 560 565	
gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag gag aag cat aac ctt cat	14194
Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys Glu Lys His Asn Leu His	
570 575 580 585	
cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act tac caa cca att gat gaa	14242
His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr Tyr Gln Pro Ile Asp Glu	
590 595 600	
gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg agc aag gac ata ctg gcc	14290
Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp Ser Lys Asp Ile Leu Ala	
605 610 615	
aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc ctc caa tac cag cat ctg	14338
Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile Leu Gln Tyr Gln His Leu	
620 625 630	
ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt ggt agt tgg ctc ttt tgg	14386
Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg Gly Ser Trp Leu Phe Trp	
635 640 645	
agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc tca cct gtc gac agg ttg	14434
Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu Ser Pro Val Asp Arg Leu	
650 655 660 665	
ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac ttt tgg ttc gtc ggg aca	14482
Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr Phe Trp Phe Val Gly Thr	
670 675 680	
gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca tta gta tgg atg gcg gtg	14530
Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Leu Val Trp Met Ala Val	
685 690 695	

act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc ttt gta ttt gta ctt agc 14578  
 Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly Phe Val Phe Val Leu Ser  
 700 705 710

cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct aaa gaa ttc gtg agt gca 14626  
 His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser Lys Glu Phe Val Ser Ala  
 715 720 725

cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga aac ata ttc aac gac tgg 14674  
 Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly Asn Ile Phe Asn Asp Trp  
 730 735 740 745

ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag cat cat ctt ttc cca aca 14722  
 Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr  
 750 755 760

atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca cct aga gtg gag gtg ttc 14770  
 Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala Pro Arg Val Glu Val Phe  
 765 770 775

tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac gta tct att gct acc ggc 14818  
 Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Ile Ala Thr Gly  
 780 785 790

act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa gtc gcg gag gct gcg gca 14866  
 Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu Val Ala Glu Ala Ala Ala  
 795 800 805

gag cag cat gct acc acc agt taa gctagcgtta accctgcttt aatgagatat 14920  
 Glu Gln His Ala Thr Thr Ser  
 810 815

gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg ttgtaaaaaa 14980

cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa tgaatatatc 15040

accggttact atcgtatttt tatgaataat attctccggt caatttactg attgtccgtc 15100

gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt ttgttttact 15160

atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa ttataaacac 15220  
 cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt gattctaaat 15280  
 tatttttgtc ttctaaatac atatactaata caactggaaa tgtaaatatt tgctaataatt 15340  
 tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aagggttgga gatttaattg 15400  
 ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga ggataataat 15460  
 ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt agtaattttt 15520  
 caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc cctgtggaaa 15580  
 gtttaaaaat attttggaaa tgatttgcat ggaagccatg tgtaaaacca tgacatccac 15640  
 ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta tgcatgtagt 15700  
 ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctcactaagt ttacacgat 15760  
 tataatttct tcatagccag cagatctaaa atg gct ccg gat gcg gat aag ctt 15814  
 Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu  
 820 825  
 cga caa cgc cag acg act gcg gta gcg aag cac aat gct gct acc ata 15862  
 Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile  
 830 835 840  
 tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa 15910  
 Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu  
 845 850 855  
 gtc tgc atc gac gga atc atc tat gac ctc caa tca ttc gat cat ccc 15958  
 Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro  
 860 865 870  
 ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt ggt ggc aac gat gtc act gta cag 16006  
 Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln  
 875 880 885

tac aag atg att cac ccg tac cat acc gag aag cat ttg gaa aag atg	16054
Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met	
890 895 900 905	
aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat	16102
Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp	
910 915 920	
acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa cga gaa gtc ttc aag att gtg cga	16150
Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg	
925 930 935	
cga ggc aag gat ttc ggt act ttg gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc	16198
Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys	
940 945 950	
tac att gcc att ttc ttc tac ctg cag tac cat tgg gtc acc acg gga	16246
Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly	
955 960 965	
acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc tac gga atc tcc caa gcg atg att	16294
Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile	
970 975 980 985	
ggc atg aat gtc cag cac gat gcc aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt	16342
Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg	
990 995 1000	
ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc ctc ggt gcg gat ttt att ggt ggt	16390
Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly	
1005 1010 1015	
tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa cac tgg acc cac cac gct tac acc	16438
Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln His Trp Thr His His Ala Tyr Thr	
1020 1025 1030	
aat cac gcc gag atg gat ccc gat agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc	16486
Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu	
1035 1040 1045	

cta ttc aac gac tat ccc ttg gat cat ccc gct cgt acc tgg cta cat 16534  
Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His  
1050 1055 1060 1065

cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg ccc gtc ttg gct gga tac tgg ttg 16582  
 Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu  
 1070 1075 1080

tcc gct gtc ttc aat cca caa att ctt gac ctc cag caa cgc ggc gca 16630  
Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala  
1085 1090 1095

ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac aac gct ttc att cac tcg cga cgc 16678  
 Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg  
 1100 1105 1110

aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct gtg tac att gcg gtg aac gtg att 16726  
Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile  
1115 1120 1125

gct ccg ttt tac aca aac tcc ggc ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt 16774  
Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe  
1130 1135 1140 1145

gga aac atc atg ctc atg ggt gtg gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc 16822  
Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val  
1150 1155 1160

ctg ttt tcg ttg tcg cac aat ttc gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc 16870  
Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr  
1165 1170 1175

gcc cca ctg aaa aag acg gga gaa cca gtc gac tgg ttc aag aca cag 16918  
Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln  
1180 1185 1190

gtc gaa act tcc tgc act tac ggt gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg 16966  
Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr  
1195 1200 1205

gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa cac cac ttg ttc cca cgc atg agc 17014  
Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu His His Leu Phe Pro Arg Met Ser  
1210 1215 1220 1225

agc gct tgg tat ccc tac att gcc ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc 17062  
Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala  
1230 1235 1240

aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac tac ccg tgg atc cac caa aac ttt 17110  
Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe  
1245 1250 1255

ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg 17158  
Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp  
1260 1265 1270

cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc ttg acc gga cgg gcg taa 17200  
Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro Leu Thr Gly Arg Ala  
1275 1280 1285

agatctgccg gcatcgatcc cgggccatgg cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 17260

tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaaacc tgagcatgtg 17320

tagctcagat ccttaccgcc gggttcgggtt cattctaatag aatatatcac ccgttactat 17380

cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgagctcggc 17440

gcgcctctag aggatcgatg aattcagatc ggctgagtgg ctccctcaac gttgcgggtc 17500

tgtcagttcc aaacgtaaaa cggcttgtcc cgcgtcatcg gcgggggtca taacgtgact 17560

cccttaattc tccgctcatg atcagattgt cgtttcccgc cttcagttta aactatcagt 17620

gtttgacagg atatattggc gggtaaact aagagaaaag agcgtttatt agaataatcg 17680

gatatttaaa agggcgtgaa aaggtttacc cttcgtccat ttgtatgtgc atgccaacca 17740

cagggttccc ca 17752

&lt;210&gt; 47

&lt;211&gt; 290

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Unknown

&lt;400&gt; 47

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser  
1 5 10 15

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp  
20 25 30

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile  
35 40 45

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu  
50 55 60

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu  
65 70 75 80

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser  
85 90 95

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr  
100 105 110

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile  
115 120 125

Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr  
130 135 140

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His  
145 150 155 160

Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His  
165 170 175



His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly  
180 185 190

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg  
195 200 205

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu  
210 215 220

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr  
225 230 235 240

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile  
245 250 255

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr  
260 265 270

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys  
275 280 285

Thr Glu  
290

<210> 48

<211> 525

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 48

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn  
1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe  
20 25 30

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln  
35 40 45

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala  
50 55 60

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly  
65 70 75 80

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg  
85 90 95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val  
100 105 110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr  
115 120 125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser  
130 135 140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala  
145 150 155 160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu  
165 170 175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg  
180 185 190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr  
195 200 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala  
210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys  
225 230 235 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe  
245 250 255

Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly

260 265 270

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys  
275 280 285

Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr  
290 295 300

Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp  
305 310 315 320

Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile  
325 330 335

Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg  
340 345 350

Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu  
355 360 365

Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr  
370 375 380

Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro  
385 390 395 400

Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly  
405 410 415

Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser  
420 425 430

Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly  
435 440 445

Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu  
450 455 460

His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala  
465 470 475 480

Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu  
115 120 125

Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu  
130 135 140

Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala  
145 150 155 160

Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala  
165 170 175

Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly  
180 185 190

Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln  
195 200 205

His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp  
210 215 220

Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp  
225 230 235 240

His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met  
245 250 255

Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile  
260 265 270

Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp  
275 280 285

Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala  
290 295 300

Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly  
305 310 315 320

Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val  
325 330 335

Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe  
340 345 350

Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu  
355 360 365

Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly  
370 375 380

Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu  
385 390 395 400

His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala  
405 410 415

Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr  
420 425 430

Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His  
435 440 445

Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro  
450 455 460

Leu Thr Gly Arg Ala  
465

<210> 50

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Polylinker

<400> 50

gaattcggcg cgccgagctc ctcgag

<210> 51

<211> 265

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Polylinker-Terminator-Polylinker

<400> 51

ccaccgcggt gggcggccgc ctgcagtcta gaaggcctcc tgctttaatg agatatgca 60

gacgcctatg atcgcatgat atttgcttcc aattctgttg tgcacgttgt aaaaaacctg 120

agcatgtgta gctcagatcc ttaccgccgg ttccggttca ttctaataa tatatcacc 180

gttactatcg tatttttatg aataatattc tccgttcaat ttactgattg tccgtcgacg 240

aattcgagct cggcgcgcca agctt

265

<210> 52

<211> 257

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Polylinker-Terminator-Polylinker

<400> 52

ggatccgata tcgggcccgc tagcgtaa cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 60

tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaaacc tgagcatgtg 120

tagctcagat ccttaccgcc ggttccggtt cattctaata aatatatcac ccgttactat 180

cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgaattcgag 240

ctcgccgcgc caagctt

257

<210> 53  
<211> 257  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence



<220>  
<223> Polylinker-Terminator-Polylinker

<400> 53  
agatctgccg gcatcgatcc cgggccatgg cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 60  
  
tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacggt gtaaaaaacc tgagcatgtg 120  
  
tagctcagat ccttaccgcc gggttcgggt cattctaata aatatatcac ccgttactat 180  
  
cgtatttttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgcctcgoga cgaattcgag 240  
  
ctcggcgcgc caagctt 257